

Figure 1

1/74

50

	1	
HCV-1	1a	ATGAGCACGAATCCTAAACCTCAAAAAAAAAAACAAACGTAACACCAACCG
HCV-J	1b	-----A-----G-----C-----
HCG9	1c	-----G-----C-----
BNL1	1d	-----G-----C-----
BNL2	1d	-----G-----C-----
CAM1078	1e	-----G-----C-----A-A-----
FR2	1f	-----G-----C-----C-----
HC-J6	2a	-----A-----G-----C-----A-A-----
HC-J8	2b	-----A-----G-----C-----A-A-----A-----
S83	2c	-----A-----G-----C-----A-A-----T-----
NE92	2d	-----A-----G-----C-----A-A-----T-----
FR4	2f	-----A-----G-----CT-----A-A-----T-----
BNL4	2e	-----A-----G-----C-----A-A-----T-----
BNL5	2h	-----A-----G-----C-----A-A-----T-----
NZL1	3a	-----ACT-----G-----C-----A-A-----T-----
HCV-TR	3b	-----ACT-----G-C-----C-----A-A-----ACT-----
NE48	3c	-----ACT-----A-----C-----G-----C-----A-A-----T-----
NE274	3d	-----ACT-----A-----C-----G-----C-----A-A-----T-----
NE145	3e	-----ACT-----A-----C-----G-----C-----A-A-----GT-----
NE125	3f	-----ATT-----G-C-CC-----A-A-----ACC-----
Z4	4a	-----G-----C-----
Z1	4b	-----A-----G-----C-----
GB358	4c	-----G-----C-----
DK13	4d	-----G-----C-----
GB809	4e	-----T-----G-----C-----
BNL7	4k	-----G-----C-----
BE95	5a	-----G-----C-----A-A-----
HK2	6a	-----ACT-----A-----C-----G-----C-----A-A-----
FR1	7a	-----ACT-----A-----C-----G-----C-----A-A-----T-----T-----
VN4	8a	-----ACT-----A-----C-----G-----C-----A-A-----T-----
VN13	8b	-----ACT-----G-----C-----A-----
VN12	9a	-----ACT-----A-----C-----G-----C-----A-A-----A-----
NE98	10a	-----ACT-----A-----G-----C-----A-A-----N-----

Figure 1 -continued

2/74

	51		100
HCV-1	1a	TCGCCCCACAGGACGTCAAGTTCCTCGGGTGGCGGTCAGATCGTTGGTGGAG	
HCV-J	1b	C-----T-----C--T-----	
HC-G9	1c	C-----T-----C-----C----	
BNL1	1d	C----T--K-GS--NNNNNNN-----	
BNL2	1d	C-----N-----T-----	
CAM1078	1e	C-----C--T--C-----	
FR2	1f	C-----T--A-----G--G-----G-----	
HC-J6	2a	-----A-----T-----T-----C-----C-----C-----	
HC-J8	2b	C-----T-----C-----C-----	
S83	2c	C-----C--T--C-----C-----	
NE92	2d	C-----C--T--C-----C-----	
FR4	2f	-----T-----C-----C-----C-----	
BNL3	2e	C-----C-----C-----C-----	
BNL5	2h	C-----T-----C--T--C-----C-----	
NZL1	3a	-----A-----	
HCV-TR	3b	-----A-----T-----C-----A-----	
NE48	3c	-----C-----	
NE274	3d	-----T-----C-----C-----	
NE145	3e	-----G--A-----T-----C-----C-----	
NE125	3f	C-----C--T--G-----	
Z4	4a	C-----CAT-----A-----T--C-----C-----	
Z1	4b	-----CAT--T--G--A-----C-----C-----C-----	
GB358	4c	C-----CAT-----T-----C--T--C-----C-----	
DK13	4d	C-----AT-----T-----C-----C-----	
GB809	4e	C-----CAT-----T-----T--C-----C-----	
BNL7	4k	C-----CAT-----T-----T--C-----C-----	
BE95	5a	-----C--T-----C-----	
HK2	6a	-----AC-----C-----	
FR1	7a	-----TAT-----C-----C-----	
VN4	8a	C-----C-----	
VN13	8b	-----	
VN12	9a	-----AT--T-----C-----	
NE98	10a	C--G-----T-----A--C-----	

Figure 1 - continued

3/74

		101		150
HCV-1	1a	TTTACTTGTTGCCGCGCAGGGGCCCTAGATTGGGTGTGCGCGCGACGAGA		
HCV-J	1b	-----C-----C--G-----T--G		
HC-G9	1c	-----C-----G-----G		
BNL1	1d	-----C-----C--GNN-----T--G		
BNL2	1d	-----C-----C--G-----C--G		
CAM1078	1e	-C---G--C-A-----AG--C-G		
FR2	1f	-----C--G-----G		
HC-J6	2a	-A-----C--G-----A--G		
HC-J8	2b	-----C-----C--G-----A--G		
S83	2c	-A-----C-----G-----G		
NE92	2d	-A-----CC-G-----G		
FR4	2f	-----C--G-----C-A--G		
BNL3	2e	-----C-----G		
BNL5	2h	-A-----CC-G-----G		
NZL1	3a	-A--G-----AC-----C-T		
HCV-TR	3b	-A--TG--C-----T-----AC-----AGTAC-T		
NE48	3c	-A--G-----CT-----T--AC-T		
NE274	3d	-C-----AC-----A-----AGTTC-T		
NE145	3e	-A-----AC-----A--TC-T		
NE125	3f	-A--G-A-----AC-----AGT-C-T		
Z4	4a	-----C--G-----TC--		
Z1	4b	-----C-----CC-G-----AG-TC-G		
GB358	4c	-----C--G-----T--G		
DK13	4d	-----G-----T--G		
GB809	4e	-----G-----TC-G		
BNL7	4k	-----C--G-----TC-G		
BE95	5a	-----GA-----TC-G		
HK2	6a	-----CC-G-----		
FR1	7a	-----C-T-----		
VN4	8a	-C-----C-----GC-C-----		
VN13	8b	-----C-T-----G		
VN12	9a	-C-----A-----AC-T-----G		
NE98	10a	-----G--C-A--A-----CCAG-----T--AGT-C-C		

Figure 1 - continued

4/74

		151		200
HCV-1	1a	AAGACTTCCGAGCGGTCGCAACCTCGAGGTAGACGTCAGCCTATCCCCAA		
HCV-J	1b	-----T--A--G--A--A-----		
HC-G9	1c	-----C--G--G-----T-----		
BNL1	1d	-----A-----T--C--G--A-----		
BNL2	1d	-----G-----T-AC--G--A-----T--T--		
CAM1078	1e	-----G-----T--G--G--C--A-----T-----		
FR2	1f	-----C--A--G--A-----		
HC-J6	2a	-----G-----C--G--A--T--A--G--C-----C-----T--		
HC-J8	2b	-----T-----A--C--G--G--T--AC-----C-----C-----G--		
S83	2c	--A-----A-----C--G--A--T--G--G--C-----C-----T--		
NE92	2d	--A-----C--G--A--T--G--G--C-----C-----		
FR4	2f	-----T--A-----C--G--A--T--A--G--C-----C-----A--		
BNL3	2e	-----T--A-----C--G--A--T--A--G--C-----C-----T--		
BNL5	2h	--A-----A-----C--G--A--T--G--G--C-----C-----T--		
NZL1	3a	--A-----T--A-----A--G-----C--AC-----A-----		
HCV-TR	3b	-----G-----CAAACAG-----C-T-----		
NE48	3c	-----A--G-----C--CGC--G--G-----		
NE274	3d	--A-----AG-----C--CAACC--G--G-----		
NE145	3e	-----A-----A-----C--C--AC--G--A-----T-----		
NE125	3f	--AT-----C--AC--G--G-----		
Z4	4a	-----G-----T--C--G-----A-----		
Z1	4b	-----G-----A-----T--C--G-----		
GB358	4c	-----G-----T--G-----		
DK13	4d	-----G-----T--G--G--C-----		
GB809	4e	-----G-----T--G--G--C--A-----		
BNL7	4k	-----G-----T--G-----C--A-----		
BE95	5a	-----G--A-----C--T--AC--G-----T-----		
HK2	6a	-----A--C--G--CA-----C--G--C--A-----A--A--		
FR1	7a	-----C-----A-----C--G--A-----C--G--C-----C--A--A--		
VN4	8a	-----T--A-----C--G--CA-----G--C--A--A--A-----		
VN13	8b	--A-----T--A-----C--G--CA--G-----C--A-----A--G--		
VN12	9a	-----G--A-----C--GG--CA-----G--C--A--A--A-----		
NE98	10a	-----CA-----G--C--A--C-----G		

Figure 1 - continued

5/74

		201	250
HCV-1	1a	GGCTCGTCGGCCCCGAGGGCAGGACCTGGGCTCAGCCCCGGGTACCCCTTGGC	
HCV-J	1b	-----C-----T-----	
HC-G9	1c	---C---C---A-----A---T-----G-----	
BNL1	1d	-----Y---Y-----T-----T-----	
BNL2	1d	-----C-A-T---T---NN-----A---C-T---C---	
CAM1078	1e	--AG--C--A-----T	
FR2	1f	-----C--A-----T-----T-----A-----	
HC-J6	2a	--A---G--CT--ACT---AAT-----GAA-A--A--A-----C---	
HC-J8	2b	A-A---G--CT--ACC---A-T-----GAA---A--A--T-----	
S83	2c	A-A---G--CA--ACT---A-T-----GAAG---A--A-----	
NE92	2d	A-A---G--C---ACT---A-T-----GAA-A--A--A-----	
FR4	2f	A-A---G--CG--ACT---A-T-----GA-GT--A--A-----	
BNL3	2e	A-A---GN-NG--ACT-----T-----GA-GT--A--A--T---C---	
BNL5	2h	A-A---G--CT--ACT---AAT-----GA-GT--A--A-----	
NZL1	3a	---G-----AG---A---C---T-----	
HCV-TR	3b	-----CTC--G-----C---T-----	
NE48	3c	---G-----TGG-----AC---T-----G-----	
NE274	3d	---A-----AG-----C---T-----T-----	
NE145	3e	---A--C-C-AG--GA--AC---T-----G-----T-----C---	
NE125	3f	---A--C--AAG-----C---T-----C-----T-----	
Z4	4a	---G--C-A---A-----AT-----G-----	
Z1	4b	---G--C---T-----T-----	
GB358	4c	---A-----AT-T---A---T-----A---	
DK13	4d	---G--C-AA-T-----T-----T-----T-----	
GB809	4e	---G--C--AT-----AT-----G-----T-----	
BNL7	4k	---G-----AT-----A---T-----A-----A--A--T--A---	
BE95	5a	---G--C-A---AC---C---T-----G---A-----	
HK2	6a	---G--C-A---C-----CA-----A-----	
FR1	7a	--TA--C-A---GACA---C-T-G---G---A-----C-----	
VN4	8a	A-TG--C-AC-AAAC---C-T-----C-----C---	
VN13	8b	--TG---AC-AAAC---C-T-----A-----C---	
VN12	9a	--TG--C-A-AA-C-A---C-A-----T-----C---	
NE98	10a	---G--C--AA-----T-----	

6/74

Figure 1- continued

		251		300
HCV-1	1a	CCCTCTATGGCAATGAGGGCTGCGGGTGGGCGGGATGGCTCCTGTCTCCC		
HCV-J	1b	-----C-----TATG-----A-----A---		
HC-G9	1c	-----C-----T-----C---		
BNL1	1d	-----N-----C---		
BNL2	1d	-----A-----C---		
FR2	1f	-----CT--C-----A-----C--T		
HC-J6	2a	---A--C--G-----ACT--C---A-----C---		
HC-J8	2b	---G--C--A--C-----T---C-----T-----C---		
S83	2c	---G-----G-----CT--C---A--G-----C---		
NE92	2d	---G--C--G-----CT--C---A--G-----C---		
FR4	2f	---G--C--G--C-----CT--C---A--G-----C---		
BNL3	2e	---G-----G--C-----GCT--C---A-----C---		
BNL5	2h	---G-----G--C-----CTT--T---A-----T---C--T		
NZL1	3a	-----T--C-----A--G-----C--A		
HCV-TR	3b	-----C--G--A-----T---T---A-----T---C---		
NE48	3c	-----C--T-----C---		
NE274	3d	-T--T-----T-----A-----T---C---		
NE145	3e	-----T--C-----A--G-----T-----T		
NE125	3f	-----G-----T-----A-----		
Z4	4a	-----A--G-----T		
Z1	4b	---T--C-----T-----A--G-----C---		
GB358	4c	-T--T--C--T-----T-----A--T		
DK13	4d	---T--C-----A---		
GB809	4e	---T--C-----T-----A--G-----C--T		
BNL7	4k	-T--T--C--T-----T-----ANN-----T---C---		
BE95	5a	---T--C--C-----CT-----A--G-----G--C--C--T		
HK2	6a	-T--T-----A--C-----T-----A--T-----C---		
FR1	7a	---T-----C-----A-----C---		
VN4	8a	-T--T-----A-----T--T---A--C-----C---		
VN13	8b	-T--T-----G-----T--T--C---A--G-----C---		
VN12	9a	---T-----G--C-----C-----G-----T---C---		
NE98	10a	---A-----G-----A--G-----C--G		

7/74

Figure 1 - continued

	301	350
HCV-1	1a	CGTGGCTCTCGGCCTAGCTGGGGCCCCACAGACCCCCGGCGTAGGTCGCG
HCV-J	1b	-----T-----
HC-G9	1c	--C-----T-----TT-T-----G-----A--
BNL1	1d	--C-----
BNL2	1d	--C-----
FR2	1f	--C-----C-T-----AT-----A-----A--A--
HC-J6	2a	--A--T--C--T--CTCT-----AT-----A-----C--
HC-J8	2b	--C--G-----T--CT-----C-----A--A--A--
S83	2c	--C--T-----C--TCA-----C-----A--AA-----
NE92	2d	--A--G-----C--GTCA-----A--T-----AC-----A--
FR4	2f	--G-----C--CTCG-----A-AC-----AC-----A--
BNL3	2e	--A-----
BNL5	2h	--A-----
NZL1	3a	--C-----C--T--ATC-----A-AT-----G-----C--
HCV-TR	3b	-----T-----C-----T-----A-AT-----A--C--
NE48	3c	--C--T-----G-----A-AT-----A--A--C--
NE274	3d	--C-----ATCT-----AT-----A-----T--
NE145	3e	--C-----C--A--G--T-----AC-----A-----C--
NE125	3f	-----C--C-----T-----A-AT-----A--A--
Z4	4a	--C-----ATCT-----A-AT--T-----G--A-----
Z1	4b	--C--T--CA-----GTCT-----AT--T-----C--
GB358	4c	-----A--GTCT-----A-AT--T-----A-----C--
DK13	4d	-----GTCT-----G-AT--T-----G-----C--
GB809	4e	--C--G-----GTCT-----T-AT--T-----G-----C--
BNL7	4k	--C--T----
BE95	5a	--A-----AT-----AT-----A-AA-----
HK2	6a	--C-----C-----ACAT-----AT-----C-A--C--
FR1	7a	--C--G-----T--AT-----AC-----A-----C--
VN4	8a	--C-----C--A-AT-----A-AC-----G-----C--
VN13	8b	-NC-----C--AT-----T-AT-----N-G-----C--
VN12	9a	-----C--GGA-----N--AT-----N-G-----C--
NE98	10a	--C-----

8/74

Figure 1 - continued

		351		400
HCV-1	1a	CAATTTGGGTAAGGTCATCGATACCCTTACGTGCGGCTTCGCCGACCTCA		
HCV-J	1b	T-----A-----		
HC-G9	1c	-----C-----T-----		
FR2	1f	-----A-----T-----T-----		
HC-J6	2a	---CG-----A-----T-----		
HC-J8	2b	-----C-GA-----A-----T--T--T-----		
S83	2c	---C-----A-----T--T-----		
NE92	2d	---C-----T-----T-----		
FR4	2f	---C-----C-----T-----T-S-----		
BNL3	2e	-----N-NT-----		
NZL1	3a	-----A-----A-----A-----		
HCV-TR	3b	---C--T-----A-----T--A-----		
NE48	3c	-----A-----A-----G-----		
NE274	3d	---CC-----A-----A-----A-----T-----		
NE145	3e	-----C--T--C--A-----G-----T-----		
NE125	3f	---C-----C-----T--A-----T-----		
Z4	4a	---C-----G-----		
Z1	4b	T---C-----A-----G-----T-----		
GB358	4c	---C-----A--C-----T-----		
DK13	4d	---C-----A--T-----		
GB809	4e	---CC-----A--A-----		
BE95	5a	T-----A-----A-----T-----		
HK2	6a	G-----A-----T--G-----T-----		
FR1	7a	---C-----A-N---NC-A-----		
VN4	8a	---C-----A-----C-----T-----		
VN13	8b	---CC-----T--N--S-----		
VN12	9a	---CC-----C-----C--T-----		

9/74

Figure 1 - continued

		401		450
HCV-1	1a	TGGGGTACATACCGCTCGTCGGCGCCCTCTTGGAGGCGCTGCCAGGGCC		
HCV-J	1b	-----T-----T-----C--A--G-----		
HC-G9	1c	-----C-----T-----A--G-----A--T		
FR2	1f	-----T-----C--A--G-----T---AA--		
HC-J6	2a	-----C--TG---A-----G--C--C---TC-----A--T		
HC-J8	2b	-----C--TG---T-----GG-----TC-----A--T		
S83	2c	-----CG---T---T---CG---C---T-----A---		
NE92	2d	-----C--TG-----AG---T--T-TC-----A--T		
FR4	2f	-----TG-----G-G--C---T-----A---		
BNL3	2e	-----N--CG-T-----GG-G--C--G-TN-----		
NZL1	3a	-----C-----T---G-A-----TC--A--A---		
HCV-TR	3b	-----T-----G-G--G---TC--A--A---		
NE48	3c	-----T-----CG-G--G---T--A-----		
NE274	3d	-----T-----T---G-A--G---TC--A--A--T		
NE145	3e	-----T--T-----T--GG-A-----TC--G-----		
NE125	3f	-----T-----T--T---CG-A--G---TC--A-----		
Z4	4a	---A---C--A---G-----CG-G--G---TC-----T		
Z1	4b	---A---T-----A-----G-G--T---TC-----		
GB358	4c	---A---C-----A-----CG-G--T---TC-----		
DK13	4d	---A---C--G---A-----CG-G--T---TC-----A---		
GB809	4e	---A---C-----T--A-----CG-G--T---TC-----A---		
BE95	5a	-----T--C-----A---G---CA---G---TC--A-----T		
HK2	6a	-----T--CG---G---G---T-G--C---TC--GGCT--G		
FR1	7a	-----C--TG--C-A--A-GG--G-----C---T---GGCT---		
VN4	8a	-----T--C--TG---A-----T--GW-G-----TC--GGN----		
VN13	8b	-A-A-----T--		
VN12	9a	---A---C--TG---T-----C-----T---GGC--AA		

10/74

Figure 1 - continued

		451	500
HCV-1	1a	CTGGCGCATGGCGTCCGGGTTCTGGAAGACGGCGTGAACATATGCAACAGG	
HCV-J	1b	-----A-----T-----G-----	
HC-G9	1c	-----A-----T--TA-A--C-----T--C-----	
BNL1	1d	-----	
BNL2	1d	-----	
FR2	1f	---N-A-----T-----C---N--G-----TNNNNNNNNNNNNN	
HC-J6	2a	--C-----GA-A-C---G---G--T--T-T-----	
HC-J8	2b	-----A-C-T--TA---C---G---GA-A-T--C-----	
S83	2c	--C--C---G-GA-----G---GA-A-T-----G---	
NE92	2d	--C-----GA-A-----GA-A-----	
BNL3	2e	--C---N-----G---C---G---GA-A-T---N-----	
FR4	2f	--C-----G---C---G---GA-A-T-----	
BNL4	2g	-----G--A-T-----	
BNL5	2h	-----GA-A---C-----	
BNL6	2i	-----GA-A-----	
NZL1	3a	--C-----GA---CC--T-----GA-A--T-TC-----	
HCV-TR	3b	--C--T-----T-GA---CA--T-GG---A-----	
NE48	3c	--C-----GA---C--T-G---GA-T---TC-----	
NE274	3d	--C--A-----T-GA-A-CC--T-G---AA-A-T-TC-----	
NE145	3e	--C--A-C-G-AA---C--C-G---AA-A-T-T-----	
NE125	3f	--A--A-----T-GA---C--T-G---AA-A--T-----	
Z4	4a	-----A---C-G---G---GA-T-----	
Z1	4b	-----A---CCG---G---AA-T---C-----	
GB358	4c	-----A-C-T--TA---C-G---G---GA-C-T---G-----	
DK13	4d	-----A---C-----G---G-C-T-----	
GB809	4e	-----A-C-T--TA---C-G-----GA-C---C-----	
BNL7	4k	-----GA-C-T-T-----	
BNL8	4k	-----GA-C-T-----	
BNL9	4k	-----GA-T-T-----	
BNL10	4k	-----GA-C-T-----	
BNL11	4k	-----GA-T-T-----	
BNL12	4l	-----GA-C-T-----	
BE95	5a	--C--A-C--T--GA---C--T--G---G--A-----	
HK2	6a	--C--A-----GA---CAA-C--G---GA-C--T-----	
FR1	7a	-----TA---CAA-C--G---G--C--T--C-----	
VN4	8a	T-----G---AN--NCA-C--G---N--A--T--C-----N	
VN12	9a	----NA-----T--A---CCA-C--G---GA-A-----	
NE98	10a	-----AA-T--T-TC-----	

11/74

Figure 1 -continued

501 550

HCV-1 1a GAACCTTCCTGGTTGCTCTTTCTCTATCTTCCTTCTGGCCCTGCTCTCTT

HCV-J 1b ---T--G--C-----CT-A--TT---G----

HC-G9 1c -----C--C-----T-----T-G--C--T--T--A--C--

BNL1 1d ---T-G--C-----CT---TT---G--C--

BNL2 1d ---TT-G-----CT-A--TT-T--G--C--

FR2 1f N-----N-----NN-----CT---NT-A-----

HC-J6 2a ---T-A--C-----C--T-----T-G-----G--C--

HC-J8 2b ---TT-A--C-----T-----TT-G--T--T--T--G--A--

S83 2c ---TT-G--C-----T--CT-----CT-G----

NE92 2d ---T-G--C-----C--T-----T-AT-----A----

BNL3 2e -----C-----C--T-----TNGT---T--T--G----

FR4 2f ---T-G--C-----C--T-----T-G-----T--CT-G----

BNL4 2g ---T-G-----T-GT---T--T--G----

BNL5 2h ---T-G--C-----C--T-----T-G-----T--A--C--

BNL6 2i -----G-----C--T-----T-A-----T----

NZL1 3a ---T-G--C-----C--T-----T--T--T-----

HCV-TR 3b ---T-----C--T-----T---C--C--T--CT---C--

NE48 3c ---TT-A-----C--T-----T-G--T--T--CT---A--

NE274 3d ---TT-A--C-----T-G--T--TT-----

NE145 3e -----C-----T-----T-G--T--T-----G--A--

NE125 3f ---TT-G--C-----C--T-----T--T--CT---A--

Z4 4a ---T-----C-----T---A--T--T--G--

Z1 4b -----T---T--A--T---G--

GB358 4c ---T-----C-----T-CT---A--T--T--G--

DK13 4d ---T-----C-----CT---A-----G--

GB809 4e ---T--C--C-----C--T-----CT---A--T---G--

BNL7 4k -----C--C-----C--T-----CT---A--C---G--

BNL8 4k -----C-----T-----CT---A--C---G--

BNL9 4k ---T-----C-----C--T-----CT---A--T---G--

BNL10 4k ---TA-----C-----Y--T-----Y---A--T---G--

BNL11 4k ---Y--C--C-----T-----CT---A--T---G--

BNL12 4l -----C--C-----A-C-----A--T---G--

BE95 5a ---TT-A--C-----TA---T--T--T---G--

HK2 6a ---T--C--C-----T---A--A---G--

FR1 7a ---T-----C--T-----CT-A--A---T-A--G--

VN4 8a ---T-----C--NN-----N-----N--CT---A--T---G--

VN12 9a ---T-----WCT---A--T---G--

NE98 10a ---TT-A-----TT--T---A--

12/74

Figure 1 - continued

551 600

HCV-1	1a	GCTTGACTGTGCCCGCTTCGGCCTACCAAGTGCGCAACTCCACGGGGCTT
HCV-J	1b	-T-----CA-C--A-----C--T---G-G-----GTGT-C---A-A
HC-G9	1c	--C----A-C--T-----GT-GG-----TT-----G-G
BNL1	1d	-----G--T--AA-KA-C--TC--G-G-----G-AT-C---G-G
BNL2	1d	-----G--T--AA--A-C--TC-TG-G-----G-AT-C---G-A
FR2	1f	--C-C--A--C--A-C--T-----TG-G---A--G-A-A--C-ATGGC
HC-J6	2a	--A-C--CACC--G-TC--C--TGC-G-----AAG---AT--GTACCGGC
HC-J8	2b	--G-C--A-----A-TG--T--AGTGG---CA-G---ATT-GTTCTAGC
S83	2c	--A-CT-----A-T---C---GTGG-G--CAAGG--A--GGC-ACTCC
NE92	2d	-TA-C-----G-TC--C-G--TG--G--CAAG---A--GCA-CTC-
BNL3	2e	-TG-C--C-----T-TC--T-N-GTTG-G--CAAA--TA--GTCA-GCC
FR4	2f	-TA-C--C-----TG--T---ATA--G--TAAG---AA--GCCACT-C
BNL4	2g	-TG-C--C-----T-TC--T---GTG--G--TAAG---A--GTACCA-G
BNL5	2h	-TC-C-----G--G--C--TGTG--G--CAAG---A--GCCACTC-
BNL6	2i	--A-C--C-----G-TC--T---GTG-----TGCG---CG--GT--TTC-
NZL1	3a	----A-T-CAT--A--AG-CAGTCTAG-GTG---G--TA-GT-T--C--C
HCV-TR	3b	-----TGC-----G--T-G--TAG-GTACACG---A-GT-T--C--A
NE48	3c	-----GTCTGT--T--AG-A-GGCT-G-GTAC--G--TGTAT-C--C--C
NE274	3d	-----GTCTGT--T---G-A-GGATTG--TAC--G--TGTGT-T--C--C
NE145	3e	-----CT-TGC--T--AGTC-GG-TGG-G--T-----G-AT-C--T--C
NE125	3f	-----GT-TCC-----AG---GGCTAG-GTACA-G---A-GT-C--C--A
Z4	4a	--C-C-----T--A--G-----TG-G--CTAC--G--TG-TT-----CA-C
Z1	4b	--C----AACAA--A--A--T---GTG--CTAC--G--TG-TT-----CG-C
GB358	4c	--C-----T---A-C-----GT-A-CTAT-----TG--T-----CA-C
DK13	4d	--C-----T-----A-CTAT-----AG-T-----TG-C
GB809	4e	--C-C-----T-----G---G-GTTA-CTAT-----TG-TT-----CG--
BNL7	4k	--C-----C-----AT-A-CTAT-----TGT-T-----CA--
BNL8	4k	--C-----T-----ATTA-CTAC-----A--T-----CA-C
BNL9	4k	--C-----C-----ATTA-CTAC-A---A--T-----CA-C
BNL10	4k	-TC-----C-----ACTA-CTAT-----GT-T-----CA-C
BNL11	4k	--C-----C-----AC-A-CTAC-----TGT-T-----CA--
BNL12	4l	--C-----C--G--C-----TC-G--TTAT--G--TGT-T-----CA--
BE95	5a	-TC----C--T--G--C--T--AGTT-CCTAC--A--TG--T-T---A--
HK2	6a	--C-C--AAC---A-----TCTTACCTACG-----GT-----A
FR1	7a	--C-C--ACA--A--C--A--AATT-----CAAG---G--T-T---A-C
VN4	8a	--C-T--AACAA--A--C--C--GGCG--TTATAC----AAGT-T--C--G
VN12	9a	--C-C--CAC---T--C--C--ACTAA-CTATGCT---AAGT-T-----G
NE98	10a	-----CT-ACA---A-AG-C-GGCTGG-GTAC--T--TG--T-C--A--C

0985438.050901

Figure 1 - continued

601650

HCV-1	1a	TACCACGTCACCAATGATTGCCCTAACTCGAGTATTGTGTACGAGGCGGC
HCV-J	1b	-----T-----G--C--C---T-C-----A-----T-----A--
HC-G9	1c	-----T-----C--TG--TCCG-----A---A
BNL1	1d	--T--T-----C--C--TT-C-----C--CA-C--T---AT--A
BNL2	1d	--T--TC-----C--TT-C-----C--CA-C--T---AT-AG
FR2	1f	-----T-----T-----C--TT-C---GGC--C--C--A--T-----AAA
HC-J6	2a	---ATG--G-----C--C---A-C--TGAT--C---ACC-GGC-ACTCCA
HC-J8	2b	---T---C---T-----T-A---AAC--C--CACC-GGC--CTCA-
S83	2c	---ATGCCG-----C-----T-C-----T-----C--T-GGC--CTT-A
NE92	2d	---ATG--A-----C---AG---AGT--C--C--C-GGC--CTCAG
BNL3	2e	--TATG-CA-----C--C---T-C---AAC--C--C--A-GGC-ATT--N
FR4	2f	---ATG-CG--T-----C--TG-C--TGAC--C--C--C-GGC--CTCAG
BNL4	2g	---ATG-CA-----C--TT-C---AAC--C--CA-C-GGC-AAT-CA
BNL5	2h	--TATG--G-----T-A---AGC--C-----C-GGC--CTTAA
BNL6	2i	---ATG--G-----T-G---AGC--C--C--T-GGC--CTC-A
NZL1	3a	---GT-C-T-----C--C---TT-C--TAGC-----T-----C-A
HCV-TR	3b	--TGTGC-T-----C--C---T---TGG--C-----C-A
NE48	3c	---ATAC-----C--TT-G---AGC--C--A-----T-----C-A
NE274	3d	---GTGC-----C--C---T---GGC-----C-----T-----CC-
NE145	3e	---ATGC-----C--T-A---AGC--C--A--A--T-----A
NE125	3f	---ATAC-T-----C--C---T---AGC--C--C-----T-----T-A
Z4	4a	--T---A-----T--G--T--C-----A--C--T--A--T-A
Z1	4b	--T--T-----A-C--C--A-----A---A
GB358	4c	--T---A-----C-----G-----C--A-----A-C-A
DK13	4d	-----T-----C-----G-----C--A--C--T--AA-C-A
GB809	4e	--T---A-----C--C---G--TG---C--A-----A-C-A
BNL7	4k	---T-T-----G--T--A--C--A-----T-----C-A
BNL8	4k	-----C-----G-----C--A--T--T-----C-A
BNL9	4k	--T--TA-----C--C---G--T--A--C--A-----T-----C-A
BNL10	4k	-----T-----C-----G--T--A--C--A-----T-----C-A
BNL11	4k	-----T-----C-----G--T--A--C--A-----TT-----C-A
BNL12	4l	-----C--C-----G-----C--C--A-----T--T-C-A
BE95	5a	--T--T--T-----A-----TTCC--A--C--T-----A-A
HK2	6a	-----TC---A-----C-----C--C--C---CTG-----A
FR1	7a	-----TC-T-----C---T-G---AAC--C--C--T--TT-----A
VN4	8a	-----TC-----C--C-----C---AGC--C--C--T--T-----A
VN12	9a	--T--TC-A-----C-----C--TAGC--C-----T-----AA
NE98	10a	---ATG--A--T--C--C---AG---GGT-----C-----T-----C-G

Figure 1 - continued

14/74

	651		700
HCV-1	1a	CGATGCCATCCTGCACACTCCGGGGTTCGCTCCCTTGCGTTCGTGAGGGCA	
HCV-J	1b	G--CATG---A-----C--C-----G--C-----C--G---A-T-	
HC-G9	1c	GA-CCTG---A---TCTG--C-----T--G--C-A---A--C-----	
BNL1	1d	--G-ATG---A---TAC--A-----G--C-----G---AT-	
BNL2	1d	T-G-ATG---T---G-C-A-----T--G--C-----G---AA--	
FR2	1f	G--CAT-----T-----G--T-----N--G--C---A-A--G--A----	
HC-J6	2a	G-C---TG----C---GTC--C-----G-----AGAAA-T---G-	
HC-J8	2b	T--C--AG-T--C--TCT---T--A-----A--T-AGAA---TAATG	
S83	2c	A-GA--AG-G--T--T-----T--A-----T-AG---ACC-C--	
NE92	2d	G-----TG-T--T---GTC--C-----T-----T-AGGAGA-----	
BNL3	2e	G--C--GG-G--T--TGT---T--A--T-----C---AGAA-AGCTC-G	
FR4	2f	G--C--GG-G--C--TGT---T--A--T-----C--T-AGA-GTCA--T-	
BNL4	2g	G-GC--GG-G--T--TGT---T--A--T-----G--T-AGTTGC-----	
BNL5	2h	G-----TG-G--T---GTC--T--A--T--T--A--T-AGA-GC-CCAA--	
BNL6	2i	G--G---G----T---GTC--T--A--T--T--C--T-AGT-GA---A--	
NZL1	3a	T----T---T-----A--C--C--T--A-----T--C-AG--C----	
HCV-TR	3b	A---TG---T-----TTA--C--A-----G--C-----CACAAACC----	
NE48	3c	-C---T---T-----TTG--C--T-----A--C-----C-AAA-CAAT-	
NE274	3d	T--A-T---T-----TTG--A--T--T--G--C-----AATCA-----	
NE145	3e	A---TG-----TG--T--T-----T--C-----G-AGA-C-----	
NE125	3f	TA---T-----TG--C--C--T--G--C---AC---C-----T-	
Z4	4a	-C--CA-----A---TTG-----A--C--T--GATGACT--G-	
Z1	4b	GC-CCA---A---TTG--A-----T-----C--T--G--GAC--AG-	
GB358	4c	GC-CCA-----A---CTC--A-----TT-A--C-----GA-G-TT--G-	
DK13	4d	TT-CCA---T-A---CTC-----A-----T-----GA-G--A--G-	
GB809	4e	-A--CA---T-A---CTC--A-----A--C--T--GAAGACC--G-	
BNL7	4k	-C--CA---T-----CTC--A--T-----G--C-----GA-A-----G-	
BNL8	4k	-C-CCA---T-----CT--A--T-----G--C-----GA-AACT--G-	
BNL9	4k	-C--CA---T---TCTC--A--T-----G--C-----GA-A-T---G-	
BNL10	4k	-C--CA---T-AGCACT--A--T-----G--C-----GA-A-T---G-	
BNL11	4k	-C--CA---T-----CT--A--A-----G--C-----GAAA-----A-	
BNL12	4l	-C--CA---T-A---CTA--A-----T--A--C--T--GAAGACT--G-	
BE95	5a	TA-CCTG-----A---G-A--T--T-----G-----T--CATGACA--T-	
HK2	6a	T-C-ATG---T---TTTG--T--A---T-G-----T--GA-G-TC-ATG	
FR1	7a	GACCATG--A-----TCT---A--T--T-----A--TA-CAAG-C---G-	
VN4	8a	GACACTG--TT-----TTG--T-----T--A-----T--GAAGRT-RA--	
VN12	9a	T-GCATG-----TCTC-----T-----C-----GAAGACC----	
NE98	10a	G---ATT-----C---TTA--T--C--T-----C-----A--CTCT----	

1 5 / 7 4

Figure 1 continued

		701	750
HCV-1	1a	ACGCCTCGAGGTGTTGGGTGGCGATGACCCCTACGGTGGCCACCAGGGAT	
HCV-J	1b	-TTT---CC-T--C-----A--C-C--T--C---C-C--GG-----A-C	
HC-G9	1c	-----CT-CC-T-GT--C--C--A---G-----	
BNL1	1d	--CATCTCC-C--C---A-----C-C-----C---C-T--GGT--AAA-Y	
BNL2	1d	--T-T--TC-T--C---A--C-RC-C-----C---C-T--GGT--AA--C	
FR2	1f	-TAT---CC-T--C-----AC--C-C-----C---C-C--AG-GC--ATC	
HC-J6	2a	-TA-A--TC----C---A-AC--G-CT-A--G-AT-----GTGCA-C-G	
HC-J8	2b	G-A---T-CAT--C---A-ACAAG-A--A--C-AC-----TGTG-AAC-C	
S83	2c	---T---TC-A-----C--G-TG---C-ATC-C---TA--TC-A	
NE92	2d	--ATA--CC-C-----A-AC--G-TT-G--C-ATA-A--TGTG--CC-A	
BNL3	2e	GTCGG-TCCAC-----A-CC---CT-G--C-ACA-A--GTG--CA-A	
FR4	2f	-TAGGA-CTTC-----ACA---G-CT-G--C-AC-----TGTG--CCGA	
BNL4	2g	-TAAG--CC----C---A-AC--G-C--T--C-AC-----TGTG--ACC-G	
BNL5	2h	-TCAG--TC-C--C---A-AC-TG---A--C-AT-----GTG--CC-A	
BNL6	2i	--A----CC-C--C---A-AC--G-C-----ACA-C--TGTG--CC-A	
NZL1	3a	-TA-A--T-C---C---ACCC-AG---A-----A-----AGT----T-C	
HCV-TR	3b	--CAA--ATCA--C---ACAA--G-CT-AA-G-----GTT---ACC	
NE48	3c	--A--A--C---C---A-AC--G-----T--G--A-----GGT---TC-C	
NE274	3d	--T-----CAA--C---A-TC--G--G-A--A--A-----GGTT-A-T-C	
NE145	3e	--A-A--GA--C---ACCC--GC---A--A-----AGT---AT-C	
NE125	3f	--CAG--A-----C---AC-C-AG-A--A--G--A-----TGT--AAC--	
Z4	4a	--A-A---C-T--C---AC-C--G---G-----A-----TGT-GCAC-C	
Z1	4b	-TA-T--TC-C--C-----C-CT-----C--T-----G-GCCCT--	
GB358	4c	-TCAG--AC-C--C-----CC-C--T--C--C-----GG-GCCTT-C	
DK13	4d	--AAG--T-CA--C-----T-TC-C-----C--C-----TG-GCAAC--	
GB809	4e	--CAG--C-----CC-C--T--C--A-----GT-GCCTT-C	
BNL7	4k	-TCAG--AC-T--C-----A--CC-T-----C--C--AG-GCCAT-C	
BNL8	4k	-TCAG--AC-T--C-----CC-T--T-----C--C--AG-GCCAT-C	
BNL9	4k	-TCAG-----T--C-----CC-T-----CA-C--AG-GCCAT-C	
BNL10	4k	--CAG--AC-C--C-----CC-T-----C--C--AG-GCCAT-C	
BNL11	4k	-TCAT--AC-C--C-----CC-T-----C--C--AG-GCCAT-C	
BNL12	4l	--A-T--C-C--C-----CT-A--A-----C-----G-GCCATA	
BE95	5a	-T-TGAGT--A--C-----CCAA--T-----AC--T-AG--CC-AGC	
HK2	6a	-TCGG--C-CC-----CAT--TG-----C--CC-----TACCAA--	
FR1	7a	-T-AG--AC-A-----C-CC-TG-CT-----C--CT-A---GT-CCCA-C	
VN4	8a	-TCAA--CC----C-----CA-GCCT----G--CC----AGTGCC-A-C	
VN12	9a	--CTGA-C-A-----C--T--GCCT----G--AT----GGTGCA-A--	
NE98	10a	-TA-A--A--A--C---A-CC-TG---G---Y--C--C---GTG-A-TCG	

16 / 74

Figure 1 - continued

		751	800
HCV-1	1a	GGCAAAC TCCCCGCGACG CAGCTTCGACGTCACATCGATCTGCTTGTCGG	
HCV-J	1b	A---GCA-----A-C---ACAA-A-----C---G-----T---C---T---	
HC-G9	1c	TCGCGCG-----TC-GTG--G-----G-----GTG-----CTC-A-----	
BNL1	1d	-CT-GTG-----A-TR--GCAA-C-----G-----CT-----T---	
BNL2	1d	-CT--TG-----TA-TG--GCAA-C-----C---TG-----CT-----G---T---	
FR2	1f	-CG--CGCT---ATCGATG--G-G--G-----G-----C---C---C---G---	
HC-J6	2a	CC-GGCGC--T-A--CA-GGCT-A--GACG-----T--CA--G-----GAT	
HC-J8	2b	C---GGTGCG-T-A-TCGTAGC--G---ACA---G-----CA--A-C---AAT	
S83	2c	CCTGGCGCT-T-A-T-A-GGC--G---GCA-----A-CA-C---GAT	
NE92	2d	CCTGGTGCG-TTA-C-A-GGC--G--GACG--T--T---ACCA-CA-T-C	
BNL3	2e	CCTGGTGCT-T-A-C-A-GGA--G--GGCA-G---T---GCCG-C---GAT	
FR4	2f	CCTGGTGCT-T-A-T-GAGGT--G--GGC-----T---ACCA-C---GAT	
BNL4	2g	CC-GGCGC--T-A-T-G-GGCT-G--GACG-----T--CACCA-C---GAT	
BNL5	2h	CCTGGCGCG-T-A-C-G-GGTT-G--GACG-----T--CACCA-C---T-C	
BNL6	2i	CCTGGCGCG-TTA-C-A-GGC--G--GACA--T--T--CA-CA-----C	
NZL1	3a	-T-GG-GCAA-TA-TG-TTC-A-A--CA----TG-G--C--AT-A--A--	
HCV-TR	3b	CTTGCGG-GA--A-CG--TC-A-C---ACC--TG-G---A----G--A--	
NE48	3c	-T-GGTGCGA--A-CG-ATC-A-C--CG-G---G-G-----G--G--	
NE274	3d	-CTGGCGCGA--A-TG-ATC-A-C--CA----TG-G-----G--G--	
NE145	3e	-CTGGTGCAA-GA--G-TTCG-A--CG-A---G-G---T----A-----	
NE125	3f	CCTGGCGCAGT-A-CG-ATCAA-C--CA-G--TG-G---T--A-G--G--	
Z4	4a	CCGGGCGCT--GCTTGA-TC-T-C--G--A--TG-G--CT-AA-G--A--	
Z1	4b	CC---CGCA--GTTAGA-TCCA-G--CA-G--TG-A--C---A-G--G--	
GB358	4c	AT-GGCGCT--GCTTGAATCC--C--GA----TG-G-----A-G--A--	
DK13	4d	CTG--TGCT--GCTTGA-TCTT-GA-----G-G-----A-G--G--	
GB809	4e	-T-GGTGCT--GCTCGA--CCT-G--G--C--TG-G--C---A-G--A--	
BNL7	4k	AT-GGCGCG--ACTTGA-TCT--A--GA----TG-G--CT--A-G--G--	
BNL8	4k	AT-GGCGCA--GCTTGA-TCT--G--GA----TG-G-----A-G--G--	
BNL9	4k	AT-GGCGCA--GCTTGA-TCTT-G--GA----TG-G-----A-G--G--	
BNL10	4k	AC-GCGCG--GCTTGA-TCC--G--GA----TG-G-----A-G--G--	
BNL11	4k	AT-GGCGCG--ACTTGA-TCT--A--GA----TG-G--G--A-G--G--	
BNL12	4l	CTTTCGGCT--ACTT-T-TCCG-A--G--G--TG-G-----A-G--G--	
BE95	5a	CT-GG-GCAGT-A--G-T-CT-----GA-AGC-G-T--CTAC--A-CG--	
HK2	6a	-CTTCCACG-----A---GGAT-C--CA-G--TG-G-----T----CG--	
FR1	7a	TCATC-G-G--AATCCACGG-T----C--A---G-A--C--C--C--T--	
VN4	8a	-CGTCTACG--A-TC--CGG-T-C--CAAA--TG-G--CA-CA-G--G--	
VN12	9a	-CGTCGG-GT--ATC-G-GGTG-C--CGAG---G-G--C--CT-G--G--	
NE98	10a	CC-TGCGC-G--A-CG-CTCT--C--CACG---G-G---A--A-G--G--	

17/74

Figure 1 - continued

		801		850
HCV-1	1a	GAGCGCCACCCTCTGTTTCGGCCCTCTACGTGGGGGACCTATGCGGGTCTG		
HCV-J	1b	-GCG--TG-T-----C--TA-G-----T-----T--C-----A--C-		
HC-G9	1c	-GC---TG-GT-----TA-G--T--A-----C--CA		
BNL1	1d	-G-NN-----GT-----C--TA-G-----R-----T-----		
BNL2	1d	--CA---G-GT-TC---C--TA-G-----C-----A--C-		
FR2	1f	-GCA---GTGT---C--A--A-G--A-T-----T--T---GGC-		
HC-J6	2a	-TC-----G-----C--C--T--T-----C-----TGGG-		
HC-J8	2b	-GCA--T--GGC---C-----T-G--T-----A--TG-G-----G-C-		
S83	2c	-TCT--T--GG-----T-----T--T-----G-G--T--CG-GC		
NE92	2d	ATC---T--GT-T--C--T-----G--A-A--A-----G--T--CG-G-		
BNL3	2e	-TC-----C--T-----G-----A--TG-G-----CG-A-		
FR4	2f	-TC-----C--T-----A--A-A-----CG--		
BNL4	2g	-GT---T--G-----T--A-----A-C-----G-G--T--CG-G-		
BNL5	2h	-TCT--T--G---C--A--TT-G--T-----C---T-C-----CG-A-		
BNL6	2i	-TC-----GT---C--T---T-G--T-----		
NZL1	3a	CGCG-----GA-G--C--T--G-----T--TA-G--T--G---		
HCV-TR	3b	CGCACGACAA--G-----G--G-----C-----GCT-T---G---		
NE48	3c	T-CG--T--AT-G-----A--T-----C--T-----T-----G-A-		
NE274	3d	AGCT--T--GT-G--C--C--G--G--T--T--C--TA-G--T--AG-C-		
NE145	3e	C--T-----T--G--C--C--G-----T--C--T-----T-----G-C-		
NE125	3f	TGCA-----G--G-----A--A-----T--T--A--TT-G-----G---		
Z4	4a	CGCG-----TT-G-----T-----T--T-----C-----AGG--		
Z1	4b	TGCG--T--TA-G-----C--T-----A-T--A--T--G--T--AGGC-		
GB358	4c	TGC---T--TGCG--C--C--T--T--A-C--A-----G-----TGGC-		
DK13	4d	CG-----T-----C--C-----A-C--A--G-G--T---GG--		
GB809	4e	TGCT-----G-G--C--C-----C--C-----G-----TGGCT		
BNL7	4k	-GC-----TG-T-----A-----T--A-C-----TT-R--T--YGGCT		
BNL8	4k	-GCT-----TG-T--C--A-----T--A-C-----TT-G--T--CGGCT		
BNL9	4k	-GCG-----TG-----A-----T--A-C-----TT-G--T--CGG--		
BNL10	4k	AGCT-----TG-T-----A-----T--A-C-----YT-G--T--CGGCT		
BNL11	4k	-GCT-----TG-T-----A-----T--A-C-----T--G-----TGGCT		
BNL12	4l	TGCA--T-----A-CG--T-----T--A-----C-----GG--		
BE95	5a	AG-G--TG-----C--C--GT-A-----A--A--GCG--T---G-AC		
HK2	6a	CGC---AGTGG-T--C--AT---G--A-C-----G--T--C---C		
FR1	7a	-GCA--GG-AT-T-----A-G--A-C--A-----C--T--TAGCA		
VN4	8a	CGCT---G-GT-----A--TA-G--T-----G-----GGCC		
VN12	9a	TGCT--TG-GT---C--T---A-G-----C---T-----TGGGC		
NE98	10a	RGCG-----A--C--A--T-----A--A-----T--T--AG-GC		

18/74

Figure 1 - continued

		851	900
HCV-1	1a	TCTTTCTTGTCGGCCAACTGTTACCTTCTCTCCCAGGCGCCACTGGACG	
HCV-J	1b	-T-----C---TC---G-----A--TC-C--GT-TGA----	
HC-G9	1c	----C-----T---GA-C-----A---T-----	
BNL1	1d	----C--C-CT-----G--A-----T--A---C-CATG---CAT--A	
BNL2	1d	----C-----G--A-----T--A---C-CTTGT--CAT--A	
FR2	1f	----C--C--T--G---T-----A-GT--C----G--T-----	
HC-J6	2a	-GA-G----CA-C---GA-----TTG----G--ACA--A-----TTT	
HC-J8	2b	-GA-GA--C-ATCG--GGCT---TGG-A--A--ACAA-----AACTTC	
S83	2c	-GA-G--G-C--CT--GG-CG--GT-G-G--G--ACAA-A---TAC-TTT	
NE92	2d	-GA-GT-G-CTTCT---G-C---T-A---G---CA--AT--TAA-TTT	
BNL3	2e	-GA-GA-A-CT-CA--GGCT---T-G-GG-A--G-A-----T-ACTTC	
FR4	2f	-GA-GA-A-CA-CG---G-TGC-GT-G---A--GCAATA---TACTTTT	
BNL4	2g	-GA-GA-A-CT-CT--GG-TG---TTG---G--GCAA-AT---AACTTT	
BNL5	2h	-GA-GT-G---TCT---T-T---TGA---C--TCA--A---ATCTTC	
NZL1	3a	-----C--G--A---GCC-----G---AGA--TC-A-----TCAA---	
HCV-TR	3b	-G-----G--A---GC-----AGA--TC-C-----AC---C	
NE48	3c	-T--C--C--A--A---GCA-----A--AGA--C-A-----CA---A	
NE274	3d	----CT-G--G--A--GGCT-----AGA--TC-T-AG---AAC---	
NE145	3e	----C-----G--G--GGCC---T--A---AGG--TC-T--T--TAC---T	
NE125	3f	-T--C-----G-----GC-----T---AGAG-TC---AA--T-AT--C	
Z4	4a	C---C--GA-G--G--GA--A---T--TCGG--GC-T-----C	
Z1	4b	----C--A--G-----G-----GA---CGA--GC-C--G-----C	
GB358	4c	-A---T-G--T--T--GA-----T-T---CAG--GC-----T	
DK13	4d	-G--CT-G-----T-----CAA--TC-C-----C	
GB809	4e	-A--CT-G--A-----A-----CAA--GC-A-----	
BNL7	4k	-G--C--A-----T--GA-----T-T---CGA--A-----T	
BNL8	4k	-G--CT-G--T--T--GA-----TT-T---CGA--AC-A-----T	
BNL9	4k	CG--CT-G--T--T--GA-----T-T---CGA--AC-----C	
BNL10	4k	-G--CT-G--T--T--GA-----T-T---YCAG--TC-----T	
BNL11	4k	-G--C--G--T--T--GA-----T-T---CGA--AC-----T	
BNL12	4l	C---C--A--G--G--GA-----CAG--GC-T-----T	
BE95	5a	-A--CT-G--A-----A-----ATAGG--TC-C-AG---GCT---	
HK2	6a	-----T-G-CG--A-----A-----TCAG---C-C--T--T-----T	
FR1	7a	-AA-CT-G--A--G--G--T--T--T---AGG--T-A-TA---TCA-GTT	
VN4	8a	-T--C--C--T--A--G--C-----GC--AGG--TC--ATG--TCA-GTT	
VN12	9a	-----C--T--G--GT-----G---AGA-----ATGT-TGA--TC	
NE98	10a	-A-----Y--G--GGG---T-A-GGAGA-ATC-C-AG--T-----T	

19/74

Figure 1 - continued

	901	950
HCV-1	1a	ACGCAAGGTTGCAATTGCTCTATCTATCCCGGCCATATAACGGGTCACCG
HCV-J	1b	GTA----A-----A-----CG--T-A-----
HC-G9	1c	-----AC-----C---C--A-----G-G--A-----T--
BNL1	1d	-----G-AG-----C-----A---
BNL2	1d	--A--G-AG-----C-----A---
FR2	1f	GT---G-AC--T-----T--C--T--CT-T-----C-----C-----
HC-J6	2a	GT-----AC-----C-----C--T--TACC--C--T--A-----
HC-J8	2b	--C-----AG-----C--T--C-----C-AA--T--C--C--C--C--T--
S83	2c	GTC--G-AA-----C--T--C--A--C--G---GC--T-----A-----
NE92	2d	GTC--G-AC-----C--T--C--A--C--A-----C--C--T--A--T--
BNL3	2e	GTC--G-AA-----C-----C--A--C--A-----C--T--A-----T--
FR4	2f	GTC--G-AA-----C-----C--A--C--A-----C--A--A--T--
BNL4	2g	T-C--G-A-----T--C---
BNL5	2h	GTC--G-A-----C-----G--A
NZL1	3a	GTC--GACC--T--C-----GC-G--C--A-----C--TT-A--A--T--
HCV-TR	3b	GT---GACG-----C-----G--A--C--A-----G--TT-A--A--T--
NE48	3c	GTT--GCA-----C-----AC-G--C--A--T---G--TT-A-----T--
NE274	3d	GT---GACC-----AC-G--C--T--T--C---T--A--A--A--
NE145	3e	GTC--GACC-----C-----GT-G--C--A-----C--A--A--T--
NE125	3f	GTC--GTTG-----AC-A--C--A--A--C--T--A--A--T--A
Z4	4a	-----G-AG-----T--C-----CA-T-----C--C--C---A--
Z1	4b	--C--G-A-----C-----C-----T--T--CG-CT---C---A--
GB358	4c	-----G-AC-----T--C-----CG-G--G--CG-T-----C---A--
DK13	4d	--C-----AC-----T--C-----CA-A--A-----C--A--A--A--
GB809	4e	--C--G-AC--T-----T--C-----CG-A--G-----T-----C--T--
BNL7	4k	--T-----A-----T--C---
BNL8	4k	G-C--G-A-----T-----
BNL9	4k	--C-----A-----C-----C---
BNL10	4k	--C--G-A-----T--C---
BNL11	4k	--C--G-AA-----T--C---
BNL12	4l	GTC---AC-----C--T--C---
BE95	5a	GT---GAAC-----C--T--C--T--CAGT-----G-T--C--C-----
HK2	6a	GT-----AC-----C-----C-----A-A-----CG-C--C--C---A--
FR1	7a	--C--G-A--T--C-----NA-CN-T-----CG-C-----A--A--
VN4	8a	GTC--G-AG--T--C--T--C-----CA-A--G-----C--T--A-----
VN12	9a	G-C--G-AC-----C--T--C-----G-A-----C--C--T--G-----
NE98	10a	GTC--G-AC-----C--T--C---

20/74

Figure 1 -continued

		951	957
HCV-1	1a	CATGGCA	
HCV-J	1b	-----T	
HC-G9	1c	A-----T	
FR2	1f	NNNNNNN	
HC-J6	2a	-----G	
HC-J8	2b	-----	
S83	2c	-----T	
NE92	2d	G-----G	
BNL3	2e	-----G	
FR4	2f	A-----NN	
NZL1	3a	A-----T	
HCV-TR	3b	T-----G	
NE48	3c	G-----T	
NE274	3d	G-----T	
NE145	3e	-----	
NE125	3f	T-----T	
Z4	4a	G-----G	
Z1	4b	G-----C	
GB358	4c	G-----	
DK13	4d	A-----T	
GB809	4e	G-----T	
BE95	5a	G-----	
HK2	6a	G-----T	
FR1	7a	G-----	
VN4	8a	A-----	
VN12	9a	G-----G	

2 1 / 7 4

Figure 2

		1		50
HCV1	1a	MSTNPKPQKKNKRNTNRRPQDVKFPGGGQIVGGVYLLPRRGPRLGVRATR		
HCV-J	1b	-----R-T-----		
BNL1	1d	-----R-T-----XXXXX-----X-----		
BNL2	1d	-----R-T-----X-----		
CAM1078	1e	-----R-T-----V-----A-----		
FR2	1f	-----R-T-----		
HCVTR	3b	---L---RQT---L---N-----V-----V-		
DK13	4d	-----R-T-----M-----		
CAM600	4e	-----R-T-----M-----		
GB809	4e	-----L-R-T-----M-----		
BNL7	4k	-----R-T-----M-----		
BE95	5a	-----R-T-----M-----		
HK2	6a	---L---R-T-----T-----		
FR1	7a	---L---R-T-----M-----		
VN4	8a	---L---R-T-----I-----		
VN13	8b	---L---R-T-----		
VN12	9a	---L---R-T-----M-----		
NE98	10a	---L---R-T-----X-----V-----Q-----V-		

2 2 / 7 4

Figure 2 - continued

		51		100
HCV1	1a	KTSE	RSQPRGRRQPIPKARRPEGRTWAQPGYPWPPLYGNEGCGWAGWLLSP	
HCV-J	1b		-----M-----	
BNL1	1d		-----X-X--S-----X----	
BNL2	1d		-----D-----QSD-XX----H-----	
CAM1078	1e		-----E-----	
FR2	1f		-----S-----A-----	
HCV6	2a		-----D--ST-KS-GK-----L-----	
HCV8	2b		-----D--ST-KS-GK-----L-----	
CH610	2c		-----D--TT-KS-GR-----L-----	
NE92	2d		-----D--T-KS-GK-----L-----	
BNL3	2e		-----D-XAT--S-GR-----L-----	
FR4	2f		-----D--AT-KS-GR-----L-----	
HCVTR	3b		-----KQ-HL-----SR--S-----K--L-----	
DK13	4d		-----QL--S-----	
CAM600	4e		-----T--S-----	
GB809	4e		-----S--S-----	
BNL7	4k		-----S--S-----X-----	
BE95	5a		-----Q-T--S-G-----A--L-----	
HK2	6a		-----Q-Q--H-----	
FR1	7a		-----V-Q-T--S-G-----	
VN4	8a		-----V-HQT-----	
VN13	8b		-----V-HQT-----	
VN12	9a		-----A-----V-QNQ-----	
NE98	10a		-----S-----R--T--S-----	

23/74

Figure 2 - continued

		101		150
HCV1	1a	RGSRPSWGPTDPRRRSRNLGKVIDTLTCGFADLMGYIPLVGAPLGGGAARA		
HCV-J	1b	-----		
BNL1	1d	-----N---		
BNL2	1d	-----		
FR2	1f	-----N-----S-T		
HC-J6	2a	-----N--H--V-----V-----V---		
HC-J8	2b	-----T-----H-----R-----I-----V--V--V---		
CH610	2c	-----H-----V--V--V---		
NE92	2d	-----H-----V--V--V---		
BNL3	2e	-----XX-----X-V--V--X---		
FR4	2f	-----N--H-----X-----V--V--V---		
HCV-TR	3b	-----N-----F-----V--V---		
GB116	4c	-----V--V---		
DK13	4d	-----N-----V--V--V---		
CAM600	4e	-X--X--N--X-----V--V---		
GB809	4e	-----N-----V--V---		
G22	4f	-----V--V---		
GB549	4g	-----V--V---		
GB438	4h	-----V--V---		
BNL7	4k	-----N-----		
BE95	5a	-----N--N--K-----G-I--V---		
HK2	6a	-----H--N-----V-----V-A-		
FR1	7a	-----N--N-----XXL-----VL-G--V-A-		
VN4	8a	-----N--N-----V--X--V-X-		
VN13	8b	X-----N--N--X-----XX-----IE--		
VN12	9a	-----D-X-N--X-----E--V-----V-AE		
NE98	10a	-----N-----		

24/74

Figure 2 - continued

		151	200
HCV1	1a	LAHGVRVLEDGVNYATGNLPGCSFSIFLLALLSCLTVPASAYQVRNSTGL	
HCV-J	1b	-----I-----E---VS-I	
BNL1	1d	-----XT-HE---AS-V	
BNL2	1d	-----F-----TT-HE---AS-V	
FR2	1f	-X-----XG--XXXXX--X--XX---X-----T---E-HST-DG	
HC-J6	2a	-----F-----I-T-V--AE-K-ISTG	
HC-J8	2b	-----I-----V---V--VE---ISSS	
CH610	2c	-----I-----S-----IS--V--VE-K-TSTS	
NE92	2d	-----I-----I---V-GL--K-TSSS	
BNL3	2e	--X-----I--X-----X-----V---V-XVE-K-TSQA	
FR4	2f	-----I-----I---V--I--K-NSHF	
BNL4	2g	-----V---V--V--K-TSTM	
BNL5	2h	--I-----V--K-TSHS	
BNL6	2i	--I-----I---V--V--A-RS-S	
HCV-TR	3b	-----A-G-----F---C---GLEYT-TS--	
GB116	4c	-E---AV---I-----S-----T--VNY--AS-V	
DK13	4d	-----L-----NY---S-V	
CAM600	4e	-----AV---I-----T--VNY--AS-I	
GB809	4e	-----AV---I-----GVNY--AS-V	
G22	4f	-----AV---I-----VHYH-TS-I	
GB549	4g	-----AV---I-----QHY--IS-I	
GB438	4h	-----AV---I-----V--R-----QHY--AS-I	
BNL7	4k	--I-F-----INY--VS-I	
BNL8	4k	--I-----INY--TS-I	
BNL9	4k	--I-----INYH-TS-I	
BNL9	4k	--I-----I--X---X-----TNY--VS-I	
BNL10	4k	--I-----X-----TNY--VS-I	
BNL11	4l	--I-----I-----QHY--VS-I	
BE95	5a	-----I-----VPY--AS-I	
HK2	6a	-----AI---I-----T---LTYG--S--	
FR1	7a	-----AI-----T---I--K-AS-I	
VN4	8a	-----XXI--X---X--XX-X--X-----T---AHYT-KS--	
VN12	9a	-X---AI---I-----X-----T---LNYA-KS--	
NE98	10a	--I-F-----F---LT-TAGLEY--AS--	

Figure 2 - continued

		201	250
HCV-1	1a	YHVTNDCPNSSIVYEADAILHTPGCVPCVREGNASRCWVAMTPTVATRD	
HCV-J	1b	-----S-----M-M-----S-F-----L---L-A-N	
BNL1	1d	-----S---I---MDGM-M-Y-----D-HL---M-L---L-VKX	
BNL2	1d	--L---S---I---MSGM---A-----N-S---MXL---L-VK-	
FR2	1f	-----S-G-----K-I-----X---I---I-----PL---L-A-I	
HC-J6	2a	-M-----T-D---TWQLQA-V--V-----EKV--T---IPVS-N--VQQ	
HC-J8	2b	-YA---S-N---TWQLT--V--L-----ENDNGTLH--IQV--N--VKH	
CH610	2c	-M-----S-----WQLEG-V-----EQI-----PVS-N--I-Q	
NE92	2d	-M-----Q-----WQLR--V--V-----EEK--I---IPVS-NI-VSQ	
BNL3	2e	-MA---S-N---WQLX--V--V-----ENSSGRFH--IPIS-NI-VSK	
FR4	2f	-MA---A-D---WQLR--V--V-----E-S--RTF--T-VS-N--VSR	
BNL4	2g	-MA---S-N---IWQMQG-V--V-----ELQ--K---IPV--N--VNQ	
BNL5	2h	-M-----S-----WQLK--V--V-----E-HQ-Q---IPV--N--VSQ	
BNL6	2i	-M-----S-----WQLEE-V--V-----EWKD-T---IPV--NI-VSQ	
HCVTR	3b	-VL---S-G-----E-V---L-----TT--Q-S--TTVST---V-T	
GB116	4c	--I-----D-YH---L---L---V--Q-----L-----APY	
DK13	4d	-----T-DYH---L-----K-T---SL-----AQH	
CAM600	4e	--I-----A---TENH---L-----T--Q-----L-----SPY	
GB809	4e	--I-----A---TDNH---L-----KT--Q-----L-----SPY	
G22	4f	--L-----F--VHH---L-----T--Q-----L---L-APY	
GB549	4g	-----DHH-M-L-----T--T---PL-----APY	
GB438	4h	-----DHH-M-L-----T--V---IPL-----VPY	
BNL7	4k	-Y-----DHH---L-----Q-----L-----APY	
BNL8	4k	-----DHH---L-----T--Q-----L-----APY	
BNL9	4k	--I-----DHH---L-----V--Q-S---L---I-APY	
BNL9	4k	-----DHH--AL-----V--Q-----L-----APY	
BNL10	4k	-----F--DHH---L-----K--H---L-----APY	
BNL11	4l	-----SDHH---L-----KT--T-----L-----API	
GB724	4x	--I-----V---TDHH---L-----T--V---TPV-----AVS	
BE95	5a	-----DNL---A-----MT--V-----QI---LSAPS	
HK2	6a	--L-----L--DAM---L---L---VDDR-T--H-V---L-IPN	
FR1	7a	--L---S-N---F--ETM---L-----IKA--E---LPVS--L-VPN	
VN4	8a	--L-----ETL---L-----KXX-Q-----QAS--L-VPN	
VN12	9a	--L-----NGM---L-----KT--LTK--LSAS--L-VQN	
NE98	10a	-M-----S-G-----G-I---L-----S--T---IPVSX---VKS	

26/74

Figure 2 - continued

		251	300
HCV-1	1a	GKLPATQLRRHIDLLVGSATLCSALYVGDLCGSVFLVGQLFTFSPPRHWT	
HCV-J	1b	SSI-T-TI---V-----A-A---M-----S-----YE-	
BNL1	1d	ASV-TXAI---V-----XX-F---M--X-----A-----M-H-	
BNL2	1d	ANV-TAAI---V-----T-AFR--M-----LYH-	
FR2	1f	ANA-IDEV---V-----A-VF--M-I---G-----TS----	
HC-J6	2a	PGALTQG--T---MV-M-----G-M-AA-M-IV--QH--F	
HC-J8	2b	RGALTRS--T-V-MI-MA--A-----V--A-MILS-A-MV--Q--NF	
CH610	2c	PGTLTKG--A-V-VI-M-----V--ALMIAA-AVIA--Q--TF	
NE92	2d	PGALTKG--T---TIIA---F-----I-----A-M-AS-V-II--QH-KF	
BNL3	2e	PGALTKG--AR--AV-M-----V--A-MIAA-A-IVA-K--YF	
FR4	2f	PGALTRG--A---TI-M-----I-----A-MIAA-VAVV--QY-TF	
BNL4	2g	PGALTRG--T---TI-MV-----I--V--A-MIAA-VVIV--QH-NF	
BNL5	2h	PGALTRG--T---TI-A---V-----F--A-M--S-F-MI--QH-IF	
BNL6	2i	PGAXTKG--T---II-A---F-----	
HCVTR	3b	LGVTTASI-T-V-M---ARQ-----AF-A-----A--R---T-	
GB116	4c	VGA-LES--S-V--M--A--V-----I-----G-----M-S-Q-----	
DK13	4d	LNA-LES---V--M--G-----I--V--G-----Q-----	
CAM600	4e	AGA-LEP---V--M--A--M-----I-----GL-----M--Q-----	
GB809	4e	VGA-LEP---V--M--A--V-----GL-----M--Q-----	
G22	4f	LGA-LESM---V--M--T-----GI--A--M--R--L---	
GB549	4g	VGA-LESM---V--M--A--V-----I-----G-----M--R-----	
GB438	4h	LGA-L-SV-Q-V--M--A-----I--H--G--A--MVS-Q-----	
BNL7	4k	IGA-LES--S-V--M--A--V-----I--X-XGL-----M-S-R-----	
BNL8	4k	IGA-LES--S-V--M--A--V-----I-----GL-----M-S-R-----	
BNL9	4k	IGA-LES--S-V--M--A--V-----I-----GA-----M-S-R-----	
BNL9	4k	TAA-LES--S-V--M--A--V-----I-X--GL-----M-SXQ-----	
BNL10	4k	IGA-LES--S-V-VM--A--V-----I-----GL-----M-S-R-----	
BNL11	4l	LSA-LMSV---V--M--A--S-----GA-----M--Q-----	
GB724	4x	VDA-LESF---V--M--A-----V-----GA-----M--Q-----	
BE95	5a	LGAVTAP---AV-Y-A-G-A-----A--AL-----M--YR--Q-A-	
HK2	6a	AST---GF---V---A-A-VV--S--I-----L--A-----Q-----	
FR1	7a	SSV-IHGF---V-----A-AF---M-I-----II-----R-KY-QV	
VN4	8a	AST-V-GF-K-V-IM--A-AF---M-----GL-----LR--M-QV	
VN12	9a	ASVSIRGV-E-V-----A-AF---M-----GL-----R--MYEI	
NE98	10a	PCAATAS--T-V-MM-XA-----AL--X--G-SWRH-Q---	

27/74

Figure 2 - continued

		301	319
HCV-1	1a	TQGCNCSIYPGHITGHRMA	
HCV-J	1b	V-D-----VS-----	
BNL1	1d	--E-----	
BNL2	1d	--E-----	
FR2	1f	V-D-----S-----XXX	
HC-J6	2a	V-D-----T-----	
HC-J8	2b	--E-----Q-----	
CH610	2c	V-E-----X	
NE92	2d	V-D-----	
BNL3	2e	V-E-----	
FR4	2f	V-E-----X	
BNL4	2g	S-D-----	
BNL5	2h	V-D-----	
HCVTR	3b	V-T-----VS-----	
GB116	4c	--D-----A--V-----	
DK13	4d	--D-----T-----	
CAM600	4e	--D-----T-----	
GB809	4e	--D-----A-----	
G22	4f	--E-----T-----	
GB549	4g	--D-----D-----	
GB438	4h	--D-----V-----	
BNL7	4k	--D-----	
BNL8	4k	A-D-----	
BNL9	4k	--D-----	
BNL9	4k	--D-----	
BNL10	4k	--E-----	
BNL11	4l	V-D-----	
GB724	4x	--D-----T-----	
BE95	5a	V-N-----S--V-----	
HK2	6a	V-D-----T--V-----	
FR1	7a	--D-----XNX--V-----	
VN4	8a	V-E-----T-----	
VN12	9a	A-D-----A-----	
NE98	10a	V-D-----	

28/74

Figure 3

SEQ ID NO. 1 (BNL1, 1d)

ATGAGCACGAATCCTAAACCTCAAAGAAAAACCAAACGTAACACCAACCGCCGCCCTCAKGGSGTN
NNNNNNCCGGGTGGCGGTCAGATCGTTGGTGGAGTTTACCTGTTGCCGCGCAGGGGGCCCCAGGNNG
GGTGTGCGCGCGACTAGGAAGACTTCCGAGCGGTACAACTCGTGGCAGGCGACAGCCTATCCCC
AAGGCTCGYCCGYCCGAGGGCAGGTCCTGGGCTCAGCCCGGGTATCCTTGGCCCCCTCTATGGCAAT
GAGGGCTGCGGGTGGGCGGGNTGGCTCCTGTCCCCCGCGGGCTCTCGGCCCAATTGGGGCCCC

SEQ ID NO. 3 (BNL1, 1d)

GACGGCGTGAACCTATGCAACAGGGAACCTTGCCCCGGTTGCTCTTTCTCTATCTTCCTCTTGGCTTTG
CTGTCTTGCTTGACGGTTCCAACKACCGCTCACGAGGTGCGCAACGCATCCGGGGTGTATCATGTC
ACCAACGACTGTTCCAACCTCGAGCATCATCTATGAGATGGACGGTATGATCATGCACTACCCAGGG
TGCGTGCCCTGCGTTCGGGAGGATAACCATCTCCGCTGCTGGATGGCGCTCACCCCCACGCTTGCG
GTCAAAAAYGCTAGTGTCCCCACTRCGGCAATCCGACGTCACGTCGACTTGCTTGTGGGGNNCC
ACGTTCTGTTCCGCTATGTACGTGGGRGACCTTTGCGGGTCTGTCTTCCTCGCTGGCCAGCTATTC
ACCTTTTCACCCCGCATGCACCATAACAACGCAGGAGTGCAACTGCTCAATC

SEQ ID NO. 5 (BNL2, 1d)

ATGAGCACGAATCCTAAACCTCAAAGAAAAACCAAACGTAACACCAACCGCCGCCACAGGACGTC
AAGNTCCCGGGTGGTGGTCAGATCGTTGGTGGAGTTTACCTGTTGCCGCGCAGGGGGCCCCAGGTTG
GGTGTGCGCGCGACAGGAAGACTTCCGAGCGGTGCGAGCCTCGTGACAGGCGACAGCCTATTCTT
AAGGCTCGCCAGTCCGATGGCAGNNCCTGGGCTCAGCCAGGGCATCCCTGGCCCCCTCTATGGCAAT
GAGGGCTGCGGATGGGCGGGATGGCTCCTGTCCCCCGCGGGCTCTCGGCCCAATTGGGGCCCC

SEQ ID NO. 7 (BNL2, 1d)

GACGGCGTGAACCTATGCAACAGGGAATTTGCCTGGTTGCTCTTTCTCTATCTTCCTCTTAGCTTTT
CTGTCTTGCTTGACGGTTCCAACCTACCGCTCATGAGGTGCGCAACGCATCCGGGGTATATCATCTC
ACCAATGACTGTTCCAACCTCGAGCATCATCTATGAGATGAGTGGTATGATCTTGACGCCCCAGGG
TGTGTGCCCTGCGTTCGGGAGAACAACCTCTCTCGTTGCTGGATGCCRCTCACCCCCACGCTTGCG
GTCAAAGACGCTAATGTCCCTACTGCGGCAATCCGACGCCATGTGACTTGCTGGTTGGGACAGCC
GCGTTTCGTTCCGCTATGTACGTGGGGGACCTCTGCGGATCCGTCTTCCTTGTGCGCCAGCTATTC
ACCTTTTCACCCCGCTTGTACCATAACAACAGGAGTGCAACTGCTCAATC

SEQ ID NO. 9 (CAM1078, 1e)

ATGAGCACGAATCCTAAACCTCAAAGAAAAACCAAAGAAACACCAACCGCCGCCACAGGACGTC
AAGTTCCCGGGCGGTGGCCAGATCGTTGGTGGAGTCTACGTGCTACCGCGCAGGGGGCCCTAGATTG
GGTGTGCGCGCAGCGCGGAAGACTTCGGAGCGGTGCAACCTCGTGGGAGGCGCCAACCTATTCCC
AAGGAGCGCCGACCCGAGGGCAGGT

T06050" 050901 050901

29 / 74

Figure 3 - continued

SEQ ID NO. 11 (FR2, 1f)

ATGAGCACGAATCCTAAACCTCAAAGAAAAACCAAACGCAACACCAACCGCCGCCACAGGACGTT
AAATTCCCGGGTGGGGGGCAGATCGTGGGTGGAGTTTACTTGTGCGCGCAGGGGCCCCAGGTTG
GGTGTGCGCGCGACGAGGAAGACTTCCGAGCGGTGCGAACCTCGCGGAAGGC
GACAGCCTATCCCCAAGGCTCGCCGACCCGAGGGCAGGTCCTGGGCTCAGCCTGGGTACC
CATGGCCCCCTCTATGCTAACGAGGGCTGCGGATGGGCGGGATGGCTCCTGTCCCCCTCGCG
GCTCCCGTCTAGCTGGGGCCCCAATGACCCCCGACGTAGATCACGCAATTTGGGTAAAG
TCATCGATAACCCTAACGTGTGGCTTCGCCGATCTCATGGGGTACATTCCGCTCGTCGGCGC
CCCCCTAGGGGGCGCTTCCAGAACCCTGNCACATGGTGTCCGGGTCTTGGNAGGCGGCGTGATNNN
NNNNNNNNNNAACCTTCCNGGTTGCTCTTTNNCTATCTTCTCTTGGCNTTACTCTCTTGCCTCAC
AGTCCCCACCTCTGCCTATGAGGTGCACAGCACAACCGATGGCTACCATGTCTACTAATGACTGTTT
CAACGGCAGCATCGTATATGAGGCAAAGGACATCATCCTTCACACGCCTGGGTGNGTGCCCTGCAT
ACGGGAAGGCAATATCTCCCGTTGCTGGGTACCGCTCACCCCCACGCTCGCAGCGCGGATCGCGAA
CGCTCCCATCGATGAGGTGCGGCGTCACGTGACCTCCTCGTGGGGGCAGCCGTGTTCTGCTCAGC
CATGTACATTGGGGACCTTTGTGGGGGCGTCTTCTCGTTGGGCAATTGTTACCTTCACGTCCCG
GCGGCATTGGACGGTGCAGGACTGTAATTGTTCCATTTACTCTGGCCACATAACGGGCCACCGNNN
NNNN

SEQ ID NO. 13 (BNL3, 2e)

ATGAGCACAAATCCTAAACCTCAAAGAAAAACCAAAGAAATACCAACCGCCGCCACAGGACGTC
AAGTTCCCGGGCGGCGGCCAGATCGTTGGCGGAGTTTACTTGTGCGCGCAGGGGCCCCAGATTG
GGTGTGCGCGCGACGAGAAAGACTTCTGAACGGTCCCAGCCACGTGGAAGGCGCCAGCCCATCCCT
AAAGATCGGNGNGCCACTGGCAGGTCTTGGGGACGTCCAGGATATCCCTGGCCCCCTGTATGGGAAC
GAGGGGCTCGGCTGGGCAGGATGGCTCCTGTCCCCCGAGGCTCTC

SEQ ID NO. 15 (BNL3, 2e)

ACGTGCGGNTNTGCCGACCTCATGGGGTACATNCCCGTTGTGCGCGCCCCGGTGGGCGGGGTNGC
CAGGGCCCTCGCGNATGGCGTGGGGTCTTGGAGGACGGGATAAATTATGNAACAGGGAACCTCCC
TGGTTGCTCCTTTTCTATCTTCTNGTCTTGGCTCTTCTGTGTGTCACCGCTGCTGTCTGNCGT
TGAGGTCAAAATACCAAGTCAAGCCATATAGGCAACCAACGACTGCTCCAACAACAGCATCGTATG
GCAATTGGNGGACGCGGTGCTTTCATGTTTCTGGATGTGTCCCTGCGAGAATAGCTCCGGTCCGTT
CCACTGTTGGATCCCGATCTCGCCCAACATAGCCGTGAGCAAACCTGGTGCTCTACCAAGGGACT
GCGGGCACGCATTGATGCCGTGCTGATGTCCGCCACCCTCTGCTCTGCCCTGTACGTGGGAGATGT
GTGCGGCGCAGTGATGATAGCTGCACAGGCTTTTCATCGTGGCACCAGCGCCATTACTTCGTCCA
GGAATGCAATTGCTCCATATACCCAGGCCACATTACAGGTCATCGCATGGCG

SEQ ID NO. 17 (FR4, 2f)

ATGAGCACAAATCCTAAACCTCAAAGAAAACTAAAAGAAACACTAACCGTCGCCCCACAGGAC
GTAAAGTTCCCGGGCGGCGGCCAGATCGTTGGCGGAGTTTACTTGTGCGCGCAGGGGCCCCAG
GTTGGGTGTGCGCGCGCCAAGGAAGACTTCTGAACGGTCCCAGCCACGTGGAAGGCGCCAGCCC
ATCCCAAAGATCGGCGCGCCACTGGCAAGTCTTGGGGACGTCCAGGATACCCTTGGCCCTGT
ACGGGAACGAGGGCCCTCGGCTGGGCAGGGTGGCTCCTGTCCCCCGGGGCTCTCGCCCTCGTG
GGGCCCCAAACGACCCCCGGCACAGGTACGCAACTTGGGTAAGGTCATCGATACCCTCACGTG
TGGCTTTGSCGACCTCATGGGGTACATACCTGTCTGTCGCGCCCCCTGTGGGCGGCGTTGCCAGA
GCCCTCGCGCATGGCGTGGGGTCTTGGAGGACGGGATAAATTATGCAACAGGGAACCTTGCCCGGT
TGCTCCTTTTCTATCTTCTTGGCTGCTCTTGTCTTGTATCACCGTGCCCGTGTCTGCCATACAG
GTAAAGAACAACAGCCACTTCTACATGGCGACTAATGACTGTGCCAATGACAGCATCGTCTGGCAG
CTCAGGGACGCGGTGCTCCATGTTCTGGATGTGTCCCCTGTGAGAGGTGAGGTAATAGGACCTTC
TGTTGGACAGCGGTCTCGCCCAACGTGGCTGTGAGCCGACCTGGTGCTCTCACTAGAGGTCTGCGG
GCTCACATTGATACCATCGTGATGTCCGCCACCCTCTGCTCTGCCCTATACATAGGGGACCTATGC
GGCGCTGTGATGATAGCAGCGCAAGTTGCCGTGCTCTCACCGCAATACCATACTTTTGTCCAGGAA
TGCAACTGCTCCATATACCCAGGCCATATCACAGGACATCGAATGGNN

3 0 / 7 4

Figure 3 - continued

SEQ ID NO. 19 (BNL4, 2g)

GACGGGGTAAATTATGCAACAGGGAATCTGCCTGGTTGCTCTTTCTCTATCTTCTTGGTTGGCTCTT
CTGTCTTGTGTCACCGTGCTGTCTCTGCCGTGCAGGTTAAGAACACCAGTACCATGTACATGGCA
ACCAATGACTGTTCCAACAACAGCATCATCTGGCAAATGCAGGGCGCGGTGCTTCATGTTCTTGGGA
TGTGTCCCGTGTGAGTTGCAGGGCAATAAGTCCCGGTGCTGGATACCGGTCACTCCCAACGTGGCT
GTGAACCAGCCCGGCGCCCTCACTAGGGGCTTGCGGACGCACATTGACACCATCGTGATGGTCGCT
ACGCTCTGTTCTGCACTCTACATCGGGGACGTGTGTGGCGCGGTGATGATAGCTGCTCAGGTTGTC
ATTGTCTCGCCGCAACATCACAACTTTTCCCAGGATTGCAATTGTTCCATC

SEQ ID NO. 21 (BNL5, 2h)

ATGAGCACAAATCCTAAACCTCAAAGAAAAACCAAAGAAACACTAACCGCCGCCACAGGACGTT
AAGTTCCCGGGCGGTGGCCAGATCGTTGGCGGAGTATACTTGTGTGCCGCGCAGGGGCCCCCGGTTG
GGTGTGCGCGCGACGAGGAAAACCTCCGAACGGTCCCAGCCACGTGGGAGGCGCCAGCCCATCCCT
AAAGATCGGCGCTCCACTGGCAAATCCTGGGGACGTCCAGGATACCCTTGGCCCTGTATGGGAAC
GAGGGCCTTGGTTGGGCAGGATGGCTCTTGTCCCTCGAGGCTCTC

SEQ ID NO. 23 (BNL5, 2h)

GACGGGATAAACTACGCAACAGGGAATCTGCCCCGTTGCTCCTTTTCTATCTTCTTGGCTGGCCTTG
CTATCCTGTCTCACTGTGCCGGCGTCCGCTGTGCAGGTCAAGAACACCAGCCACTCTTATATGGTG
ACCAATGATTGCTCAAACAGCAGCATTGTCTGGCAGCTTAAGGATGCTGTGCTTCACGTCCCTGGA
TGTGTTCCATGTGAGAGGCACCAAAATCAGTCTCGCTGCTGGATACCTGTGACACCAATGTGGCC
GTGAGCCAACCTGGCGCGCTCACCAGGGGTTTGGCGACGCACATTGACACCATCGTTGCGTCTGCT
ACCGTCTGCTCAGCTTTGTATGTGGGCGACTTCTGCGGCGCAGTGATGTTGGTCTCTCAATTTTTC
ATGATCTCCCCTCAGCACCACATCTTCGTCCAGGATTGCAACTGCTCGATA

SEQ ID NO. 25 (BNL6, 2i)

GACGGGATAAACTATGCAACAGGGAACCTGCCTGGTTGCTCCTTTTCTATCTTCTTACTGGCCCTG
CTTTCTTGTCATCACCGTGCCGGTCTCTGCCGTGCAAGTTGCGAACCAGTGGTTCTTACATGGTG
ACCAATGATTGCTCGAACAGCAGCATCGTTTGGCAGCTCGAGGAGGCCGCTCCTTCACGTCCCTGGA
TGTGTTCCCTGTGAGTGGAAGGACAACACCTCCCGCTGCTGGATACCGGTACCCCTAACATCGCT
GTGAGCCAACCTGGCGCGCTTACCAAGGGCCTGCGGACACATATTGACATCATTGTGCGGTCCGCC
ACGTTCTGCTCTGCCTTGTATGTGGG

SEQ ID NO. 27 (BNL7, 4k)

ATGAGCACGAATCCTAAACCTCAAAGAAAAACCAAACGTAACACCAACCGCCGCCCATGGACGTT
AAGTTCCCGGGTGGTGGCCAGATCGTTGGCGGAGTTTACTTGTGTGCCGCGCAGGGGCCCCAGGTTG
GGTGTGCGCGCGACTCGGAAGACTTCGGAGCGGTGCAACCTCGTGGGAGACGCCAACCTATCCCC
AAGGCGCGTCGATCCGAGGGAAGGTCCTGGGCACAGCCAGGATATCCATGGCCTCTTACGGTAAT
GAGGGTTGCGGGTGGGCANNATGGCTCTTGTCCCCCGCGGTTCTC

SEQ ID NO. 29 (BNL7, 4k)

GACGGGATCAATTTTGAACAGGGAACCTCCCCGGTTGCTCCTTTTCTATCTTCTTCTTGGCACTC
CTCTCGTGCTGACTGTCCCCGCTTCGGCCATCAACTATCGCAATGTCTCGGGCATTTACTATGTC
ACCAATGATTGCCCGAATTCAAGCATAGTGTATGAGGCCGACCATCACATCTTGACCTCCCAGGT
TGCGTGCCCTGCGTGAGAGAGGGGAATCAGTCACGTTGCTGGGTAGCCCTTACCCCTACCGTCGCA
GCGCCATACATCGGCGCGCCACTTGAGTCTCTACGGAGTCATGTGGACTTGATGGTGGGGGCCGCC
ACTGTTTGTTCAGCCCTTTACATCGGGGATTTTGTGGYGGCTTGTTCCTAGTCGGTCAGATGTTT
TCTTTCCGACCAAGGCGCCACTGGACTACTCAAGATTGCAATTGTTCCATC

31/74

Figure 3 - continued

SEQ ID NO 31 (BNL8, 4k)

GACGGGATCAATTATGCAACAGGGAACCTTCCCGGTTGCTCTTTTTCTATCTTCCTCTTGGCACTC
CTCTCGTGCCTGACTGTTCCCGCTTCGGCCATTAACTACCGCAACACCTCGGGCATCTACCACGTC
ACCAATGACTGCCCCGAACCTCGAGCATAGTTTATGAGGCCGACCACCACATCTTGCACCTTCCAGGT
TGCGTGCCCTGCGTGAGAACTGGGAATCAGTCACGTTGCTGGGTGGCCCTTACTCCTACCGTCGCA
GCGCCATACATCGGCGCACCGCTTGAGTCTCTGCGGAGTCATGTGGATCTGATGGTGGGGGCTGCC
ACTGTTTGCTCAGCCCTTTACATCGGGGATTTGTGTGGCGGCTTGTCTTGGTTGGTCAGATGTTT
TCTTTCCGACCACGACGCCACTGGACTGCCCAGGATTGCAATTGTTCTATC

SEQ ID NO. 33 (BNL9, 4k)

GACGGGATTAATTATGCAACAGGGAATCTTCCCGGTTGCTCCTTTTTCTATCTTCCTCTTGGCACTT
CTCTCGTGCCTGACTGTCCCGCTTCGGCCATTAACTACCACAACACCTCGGGCATCTATCATATC
ACCAACGACTGCCCGAATTCAAGCATAGTGTATGAGGCCGACCATCACATCTTGCATCTCCCAGGT
TGCGTGCCCTGCGTGAGAGTGGGAATCAGTCAGATTGCTGGGTGGCCCTTACCCCTACCATCGCA
GCGCCATACATCGGCGCACCGCTTGAGTCTTGCAGGATCATGTGGATCTGATGGTGGGGCGGCC
ACTGTCTGTTTACAGCCCTTTACATCGGGGATTTGTGTGGCGGTTGCTTGGTTGGTCAGATGTTT
TCTTTCCGACCACGGCGCCACTGGACCACCCAAGATTGCAACTGCTCCATC

SEQ ID NO. 35 (BNL10, 4k)

GACGGGATCAATTATGCAACAGGGAATATTCCCGGTTGCTCYTTTTCTATCTTCCTTYTGGCACTT
CTCTCGTGTCTGACTGTCCCGCTTCGGCCACTAACTATCGCAACGTCTCGGGCATCTACCATGTC
ACCAATGACTGCCCCGAATTCAAGCATAGTGTATGAGGCCGACCATCACATCTTAGCACTTCCAGGT
TGCGTGCCCTGCGTGAGAGTGGGAACCAGTCACGCTGCTGGGTGGCCCTTACCCCTACCGTCGCA
GCGCCATACACCGCGCGCCGCTTGAGTCCCTGCGGAGTCATGTGGATCTGATGGTGGGAGCTGCC
ACTGTTTGTTTACAGCCCTTTACATCGGGGAYTTGTGTGGCGGCTTGTCTTGGTTGGTCAGATGTTT
TCTTTYCAGCCTCGGCGCCACTGGACTACCCAGGATTGCAATTGTTCCATC

SEQ ID NO. 37 (BNL11, 4k)

GACGGGATTAATTATGCAACAGGGAAYCTCCCGGTTGCTCTTTTTCTATCTTCCTCTTGGCACTT
CTCTCGTGCCTGACTGTCCCGCTTCGGCCACCAACTACCGCAATGTCTCGGGCATTTACCATGTC
ACCAATGACTGCCCCGAATTCAAGCATAGTGTGTTGAGGCCGACCATCACATCTTGCACCTTCCAGGA
TGCGTGCCCTGCGTGAAAGAGGGAAATCATTACGCTGCTGGGTGGCCCTTACCCCTACCGTCGCA
GCGCCATACATCGGCGCGCCACTTGAGTCTCTACGGAGTCATGTGGATGTGATGGTGGGGGCTGCC
ACTGTTTGTTTACAGCCCTTTACATCGGGGATCTGTGCGGTGGCTTGTCTTGGTTGGTCAGATGTTT
TCTTTCCGACCACGGCGCCACTGGACTACCCAGGAATGCAATTGTTCCATC

SEQ ID NO. 39 (BNL12, 41)

GACGGGATCAATTATGCAACAGGGAACCTCCCGGTTGCTCTTTCTCTATCTTCATCCTGGCACTT
CTCTCGTGCCTGACTGTCCCGGCTTCGGCTCAGCATTATCGGAATGTCTCGGGCATTTACCACGTC
ACCAACGACTGCCCCGAACCTCCAGCATAGTGTATGAGTCCGACCATCACATCTTACACCTACCAGGG
TGTGTACCTGTGTGAAGACTGGGAACACTTCGCGCTGCTGGGTGGCCCTTAAACACCTACCGTGGCC
GCGCCATACTTTCCGCTCCACTTATGTCCGTACGGCGGCATGTGGATCTGATGGTGGGTGCAGCT
ACCTATCGTCTGCCCTCTACGTTGGAGACCTCTGCGGGGGTGCCTTCTAGTGGGGCAGATGTTT
ACCTTCCAGCCGCTCGCCACTGGACTGTCCAAGACTGCAACTGTTCCATC

SEQ ID NO. 45 (VN13, 7a)

ATGAGCACACTTCCTAAACCTCAAAGAAAAACCAAACGAAACACCAACCGTCGCCCCACAGGACGTC
AAGTTCCCGGGTGGCGGTGAGATCGTTGGTGGAGTTTACTTGTGTCGCGCGAGGGGCCCTCGTTTG
GGTGTGCGCGCGACGAGGAAACTTCTGAACGGTCCCAGCCCAGGGGTAGACGCCAACCTATAACCG
AAGGTGCGTCACCAAACGGGGCGTACCTGGGCTCAACCCGGGTACCCCTGGCCTCTTTATGGGAAT
GAGGGTTGTGGCTGGGCAGGGTGGCTCCTGTCCCCCNCGGCTCTCGCCCTAATTGGGGCCCTAAT
GACCCCCGGNGGAGGTCCCGCAACCTGGGTAAGGTCATCGATACCCCTTACTTGNGGSTTCGCCGAC
CTCATAGAGTACATTCC

32/74

Figure 3 - continued

SEQ ID NO. 43 (VN4, 7c)

ATGAGCACACTTCCAAAACCCCAAAGAAAAACCAAAAGAAACACCATCCGCCGCCACACA
GGACGTCAAGTTCCCGGGTGGCGGCCAGATCGTTGGTGGAGTCTACTTGCTGCCGCGCAG
GGGCCCCGCGCTTGGGTGTGCGCGCGACGAGAAAGACTTCTGAACGGTCCCAGCCCAGAGG
TAGGCGCCAACCAATACCCAAAGTGCGCCACCAAACGGGGCCGTACCTGGGGCCAGCCCCG
GTACCCCTGGCCTCTTTATGGAATGAGGGCTGTGGTTGGGCAGGCTGGCTCCTGTCCCC
CCGCGGCTCTCGCCCCAATTGGGGCCCCAAACGACCCCCGGCGGAGGTCCCGCAACTTGGG
TAAAGTCATCGACACCCTTACTTGCGGCTTCGCCGACCTCATGGGGTATATCCCTGTCTAG
GCGCTCCGWTGGGAGGCGTCGCGGNGGCCTTGGCGCATGGGGTCANGNCATCGAGGACGGNGTAA
ATTACGCAACAGNGAATCTTCCCGGNGCTCTNCTCTATCTTNCTCTTGGCACTTCTCTCGTGCC
TTACAACACCAGCCTCCGCGGCGCATTATACCAACAAGTCTGGCCTGTACCATCTCACCACGACT
GCCCCAACAGCAGCATCGTTTATGAGGCGGAGACACTGATTTTGCCTTGCCTGGGTGTGTACCTT
GTGTGAAGRTGRACAATCAATCCCGGTGCTGGGTGCAGGCCTCCCCGACCCTGGCAGTGCCGAACG
CGTCTACGCCAGTCACCGGGTTCCGCAAACATGTGGACATCATGGTGGGCGCTGCCGCGTTCTGTT
CAGCTATGTATGTGGGGGACCTGTGCGGGGGCCTTTTCTCGTTGGACAGCTCTTCACGCTCAGGC
CTCGGATGCATCAGGTTGTCCAGGAGTGTAAGTGTTCATCTACACAGGGCATATCACTGGACACC
GAATGGCA

SEQ ID NO. 47 (VN12, 7d)

ATGAGCACACTTCCAAAACCCCAAAGAAAAACCAAAAGAAACACAAACCGTCGCCCAATGGATGTC
AAGTTCCCGGGCGGCGGTGAGATCGTTGGTGGAGTCTACTTGTACCGCGCAGGGGGCCACGTTTG
GGTGTGCGCGCGACGAGGAAGACTTCGGAACGGTCCCAGGCCAGAGGTAGGCGCCAACCAATACCC
AAGGTGCGCCAGAACCAAGGCCGAACCTGGGCTCAGCCTGGGTACCCCTGGCCCCCTTTATGGGAAC
GAGGGCTGCGGCTGGGCGGGGTGGCTCTTGTCCCCCGTGGCTCTCGCCCGGACTGGGGNCCCAAT
GACCCCCGGNGGAGGTCCCGCAACCTGGGTAAGGTCATCG
ACACCCTCACTTGCGGCTTCGCCGACCTCATGGAGTACATCCCTGTCTGTTGGCGCCCCCT
TGGAGGCGTTGCGGCGGAACCTGGNACATGGTGTGAGGGCCATCGAGGACGGGATAAACTATGCAAC
AGGGAATCTTCTGTTGCTCTTTCTCTATCTTCCWCTTGGCACTTCTCTCGTGCCTCACCACGCC
TGCCTCCGCACTAACTATGCTAACAAGTCTGGGCTGTATCATCTAACCAATGACTGCCCAATAG
CAGCATTTGTGTATGAGGCGAATGGCATGATCCTGCATCTCCCGGGTTGCGTCCCTGCGTGAAGAC
CGGCAACCTGACCAAGTGTGGCTGTGCGCCTCCCCGACATTGGCGGTGCAGAATGCGTGGTGTG
CATCAGGGGTGTCCGCGAGCACGTGGACCTCTTGGTGGGTGCTGCTGCGTTCTGCTCTGCCATGTA
CGTGGGCGACTTATGCGGTGGGCTCTTTCTCGTTGGGCAGTTGTTACGTTTCAGACCCAGGATGTA
TGAGATCGCCAGGACTGCAACTGTTCCATCTATGCAGGCCACATCACTGGGCACCGGATGGCG

SEQ ID NO. 41 (FR1, 9a)

ATGAGCACACTTCCAAAACCCCAAAGAAAAACCAAAAGAAATACTAACCCTCGCCCTATGGAC
GTCAAGTTCCCGGGCGGCGGCCAGATCGTTGGTGGAGTTTACTTGTGGCGCGCAGGGGC
CCTCGTTTGGGTGTGCGCGCGACGAGAAAGACCTCCGAACGGTCCCAGCCTAGAGGCAGG
CGCCAGCCCATAACAAAGGTACGCCAGCCGACAGGCCGTAGCTGGGGTCAACCCGGCTAC
CCTTGGCCCCCTTTATGGCAACGAGGGCTGCGGATGGGCGGGATGGCTCCTGTCCCCCGC
GGGTCTCGTCTTAATTGGGGCCCCAACGACCCCCGGCGAAGGTCCCGCAACTTGGGTAAG
GTCATCGATAACCCTTACATNCGGNCTAGCCGACCTCATGGGGTACATCCCTGTCTTAGGAGG
GCCGCTTGGCGGCGTTGCGGCTGCCCTGGCGCATGGCGTTAGGGCAATCGAGGACGGGGTCAATTA
CGCAACAGGGAATCTTCTGTTGCTCCTTTTCTATCTTCTCTTAGCACTGTTATCGTGCCTCAC
TACACCAGCCTCAGCAATTCAAGTCAAGAACGCCTCTGGGATCTACCATCTTACCAATGACTGCTC
GAACAACAGCATCGTTTTTGGAGGCGGAGACCATGATACTGCATCTTCCAGGTTGTGTCCCATGTAT
CAAGGCGGGGAATGAGTCACGATGTTGGCTCCCTGTCTCCCCCACCTTAGCCGTCCCCAACTCATC
AGTGCCAATCCACGGGTTTCGCCGACACGTAGACCTCCTCGTTGGGGCAGCGGCATTTTGTTCGGC
CATGTACATCGGAGACCTCTGTGGTAGCATAATCTTGGTAGGGCAGCTTTTACTTTTCAGGCCTAA
GTACCATCAGGTTACCCAGGATTGTAAGTGTCTATNAACNCTGGCCACGTACAGGGACACAGGAT
GGCA

Figure 3 - continued

SEQ ID NO. 49 (NE98, 10a)

ATGAGCACACTTCCTAAACCACAAAGAAAAACCAAAGAAACACCAACC?CCGGCCACAGGACGTT
AAGTTCCCAGGCGGCGGTTCAGATCGTTGGTGGAGTTTACGTGCTACCACGCAGGGGCCCCCAGTTG
GGTGTGCGTGCAGTGCAGCAAGACTTCCGAGCGGTTCGCAACCTCGCAGTAGGCGCCAACCCATCCCC
AGGGCGCGCCGAACCGAGGGCAGGTCTTGGGCTCAGCCCGGGTACCCTTGGCCCCCTATATGGGAAT
GAGGGCTGCGGGTGGGCAGGGTGGCTCCTGTCCCCGCGCGGCTCTC

SEQ ID NO. 51 (NE98, 10a)

GACGGAATTAATTTTCGCAACAGGGAATTTACCTGGTTGCTCTTTCTCTATCTTCCTTCTGGCTTTG
TTCTCATGCTTGCTTACACCCACAGCCGGGCTGGAGTACCGTAATGCCTCCGGACTCTACATGGTA
ACTAACGACTGCAGTAACGGTAGTATCGTGTATGAGGCCGGGGATATTATCCTCCACTTACCTGGC
TGTGTCCCCTGCGTACGCTCTGGCAATACATCAAGATGCTGGATCCCTGTGAGCCCYACCGTCGCC
GTGAAGTCGCCCTGCGCCGCCACCGCCTCTCTCCGCACGCACGTGGATATGATGGTGGGRGCGGCC
ACCCTATGCTCAGCTCTCTACGTAGGAGACCTTTGTGGAGCGCTATTTCTTGTGAGGCGGGGTTT
TCATGGAGACATCGCCAGCATTGGACTGTCCAGGACTGCAACTGTTCCATC

SEQ ID NO. 53 (BNL1, 1d)

CTCGACAGTTACTGAGAATGACATCCGTGTCGAGGAATCAATATACCAATGTTGTGACTTGGCCCC
CGAGGGCTCGCAAGGCCATAAAGTCGCTCACCAGCGGCTGTACATCGGGGGCCCCYCTAACCAATTC
AAAAGGACAGAAGTGCAGGCTACCGTCGGTGCCGCGCCAGCGGCGTGCTGACTACCAGCTGCGGCAA
CACCTTGACATGCTACTTGAAAGCCAGAGCGGCCTGTGAGCTGCAAAGCTCCGGGACTGCACCAT
GCTCGTGTGCGGGGATGACCTTGTCTGTTATCTGTGAGAGTGCGGGAGTCGAGGAAGACGCGGCGAA
CCTACGAGCT

SEQ ID NO. 55 (BNL2, 1d)

CTCGACAGTTACTGAGAACGACATCCGTACCGAGGRATCAATCTATCAATGTTGTGACTTGGCCCC
YGAGGGCCCGCAAGGCCATAAAGTCGCTCACCAGCGGCTGTACGTGCGGGGGCCCCCTAACCAATTC
AAAGGGGCGAGAAGTGCAGGCTATCGTCGGTGTGCGCTAGCGGCGTGCTGACCACCAGCTGCGGCAA
CACCTCACATGCTACTTGAAAGCCAGGGCGGCCTGTGAGCTGCAAAGCTCCAGGACTGCACGAT
GCTCGTGTGCGGAGACGACCTTGTCTGTTATCTGTGAGAGTGCGGGAGTCGAGGAGGACGCGGCGAA
CCTACGAGTC

SEQ ID NO. 57 (FR17, 1d)

CTCGACAGTTACTGAGAACGACATTCGTGTCGAGGAATCAATCTACCAGTGCTGTGACTTGGCCCC
CGAGGGCCCGCAAGGCCATAAAGTCGCTCACCAGCGGCTGTATATCGGGGGTCCCCCTAACCAACTC
AAAAGGGCAGAAGTGCAGGCTACCGTCGGTGCCGCGCCAGCGGCGTGCTGACTACCAGCTGCGGTAA
TACCCTCACATGTTACTTGAAAGCCAGGGCGGCCTGTGAGCTGCGAAGCTCCAGGACTGCACAAT
GCTCGTGTGCGGAGACGACCTTGTCTGTTATCTGTGAGAGTGCRGGAGTCGAGGAGGATGCGGCGAA
CCTACGAGTC

SEQ ID NO. 59 (CAM1078, 1e)

CGTACAGCCTCCAGGACCCCCCTCCCGGGAGAGCCATAGTGGTCTGCGGAACCGGTGAG
TACACCGGAATTGCCAGGACGACCGGGTCCTTTCTTGGATCAACCCGCTCAATGCCTGGA
GATTTGGGCGTGCCCCCGCAAGACTGCTAGCCGAGTAGTGTGGGTGCGGAAAGGCCTTG
TGGTACTGCCTGATAGGGTGCTTGCAGTGCCTCGGGGAGGTCTCGTAGACCGTGCACCAT
GAGCACGAATCCTAAACCTCAAAGAAAAACCAAAGAAACACCAACCGCCGCCACAGGA
CGTCAAGTTCCCGGGCGGTGGCCAGATCGTTGGTGGAGTCTACGTGCTACCGCGCAGGGG
CCCTAGATTGGGTGTGCGCGCAGCGCGGAAGACTTCGGAGCGGTTCGCAACCTCGTGGGAG
GCGCCAACCTATTCCCAAGGAGCGCGGACCCGAGGGCAGGTCTTGGGCGCAGCCCCGGTA
CCCCTGGCCCCCTCTATGGTAACGAGGGCTGCGGGTGGGCAGGTNGGCTCCTGTCCCCCTCG
CGGCTCCCGTCCTAGTTGGGGTCCTACTGACCCCCGGCGTAGGTACGCAATTTGGGTAA
GGTCATCGATACCCTCACGTGTTGNTTCGCCGACCTCATGGGGTACATACCG

34/74

Figure 3 - continued

SEQ ID NO. 61 (CAM1078, 1e)

CTCAACGGTCACTGAAGCTGATATCCGAACAGAGGAGTCCATATACCAATGCTGTGACCTGCACCC
CGAAGCACGTGTAGCCATCAAGTCTTTGACTGAAAGGCTGTACGTCGGGGGGCCCTTGACCAATTC
AAAAGGGGAGAACTGCGGCTATCGCAGATGCCGTGCCAGCGGCGTCTTGACAACCAGCTGCGGCAA
CACCTCACCTGCTATATCAAGGCCCTAGCAGCCTGTAGAGCTGCCAAGCTCCAGGACTGCACCAT
GCTCGTCTGTGGCGACGACCTGGTCGTGATCTGCGAGAGTGTAGGGACCCAGGAGGATGCGGCGAG
CCTGCGAGCC

SEQ ID NO. 63 (FR2, 1f)

NTCAACAGTCACTGAGAGTGATATCCGTACAGAGGAGTCCATCTACCAATGCTGTGATCTAGACCC
CGAGGCTCGCAAGGCCATAAGGTCCCTCACAGAGAGGCTTTATATCGGGGGTCCCCTGACAACTC
AAAAGGGCAGAACTGCGGCTACCGCCGATGCCGTGCAAGCGGCGTCTTGACGACTAGCTGCGGCAA
CACCTCACCTGTTACATAAAGGCCAGGGCAGCCTGTGAGCTGCCAAGCTCCAGGATTGCTCAAT
GCTCGTCTGTGGCGACGACCTTGTCGTTATCTGCGAGATCGAGGGGNTCCANGAGGATCCGTTCAN
NNNNNNNNNN

SEQ ID NO. 65 (FR16, 1g)

CGTAGACCGTGCACCATGAGCACGAATCCTAAACCTCAAAGAAAAACCAAACGTAACATC
AACCGCCGCCACAGGACGTCAAGTTCCCGGGCGGTGGCCAGATCGTCGGTGGAGTTTAC
CTGTTGCCGCGCAGGGGCCCTAGATTGGGTGTGCGCGGACTAGGAAGACTTCCGAGCGG
TCGCAACCTCGTGGGAGGCGACAGCCTATCCCCAAGGCTCGCCGATCCGAGGGCAGGTCC
TGGGCTCAGCCCGGGTACCCTTGGCCCTCTATGGCAATGAGGGCATGGGTGGGGCAGGG
TGGCTCCTGTCCCCCATGGCTCCCGGCCTAGTTGGGGCCCTTCAGACCCCCGGCGTAGG
TCGCGTAATTTGGGTAAGGTCATCGATACCCTCACATGCGGCTTCGCCGACCTCATGGGG
TACATTCCGCTCGTCGGCGCCCCCTAGGGGGCGTTGCCAGGGCCCTGGCGCAAGGCTTC
CGGGATCTACCACGTACCAACGATTGTTCCAATGGGAGCATTGTGTATGAGGCGGAAGG
CATGATCATGCATCTCCCCGGGTGCGTGCCCTGCGTTCGGGAAGGTAATATCTCTCGTTG
CTGGGTACCCTTTTCCCCACGCTCGCAGCCAGGAATGCTAGCGTCCCCACTCAGGCAAT
TCGGCGACACGTGCACTTGCTTGTGGGGCGGCCACACTCTGTTCTGCTATGTATGTGGG
GGACCTCTGTGGGTCCGTCTTCCTCGTCGGCCAACCTGTTACCTTCACAWCCCGCCAGNA
CTACACAGTGCAAGACTGCAATTGTTCCATCTACCCCGGCCATATAACGGG

SEQ ID NO. 67 (FR16, 1g)

NNNNNNNGTCACTGAGAGTGATATCCGTGTGAGGARTCAATTTACCAATGCTGTGACCTGGCCCC
CGAGGCTCGCGTAGCCATAAAGTCGCTCACTGAGCGGCTATATGTCGGGGGCCCTCTCACCAACTC
AAAAGGACAGAACTGCGGCTATCGCCGGTGCCGTGCGAGCGGTGTGCTGACTACTAGCTGCGGTAA
CACCTCACATGCTACCTGAAAGCCGCGCGGCCTGTGAGCTGCAAAGCTCCGGGAATGCACAAT
GCTCGTGTGTGGCGACGACCTCGTCGTTATCTGTGAGAGTGCAGGGGTCCAGGAGGATGCTGCAAG
CCTNNNNNNNN

SEQ ID NO. 69 (BNL3, 2e)

CTCGACAGTCACAGAGAGAGATATAAGNACTGAGGAGTCCATATACCAGGCTTGTTCCCTTACCCGA
GCAGGCCAGAAGTGCATACACTCATTGACTGAGAGACTCTACGTAGGAGGGCCCATGATGAACAG
CAAAGGGCAATCCTGCGGATACAGGCATTGCCGCGCCAGCGGAGTGCTCACCACCAGTATGGGGAA
TACCATCACGTGCTACATCAAGGCCCTAGCGGCTTGTAAGCAGCAGGAATAGTGGCCCCCACCAT
GCTGGTGTGCGGCGATGACCTAGTTGTCATCTCAGAGAGTCAGGGAGTCGAGGAGGACGACCGGAA
CCTGANNNNNN

Figure 3 - continued

SEQ ID NO. 71 (FR4, 2f)

CTCAACCGTTCACAGAGAGGGATATAAGAAGTGGAGAGTCCATATACCTGGCCTGCTCCTTACCCGA
GCAGGCCCCGAGCTGCCATACATTTCATTAAGTGGAGAGCTTTACGTGGGAGGGGCCATGATGAACAG
CAAAGGGCAGTCCTGCGGATACAGGCGTTGCCGCGCTAGCGGAGTGCTCACCACCAGTATGGGGAA
CACCATCACGTGTTATGTGAAAGCCCTCGCAGCTTGTAAGCTGCGGGCATTGTTGCCCCCAGCAT
GCTGGTGTGCGGCGATGACCTGGTTGTCATCTCAGAGAGTCAGGGGGCTGAGGAGGACGAGCGAAA
CCTGAGAGTC

SEQ ID NO. 73 (BNL5, 2h)

CTCAACAGTCGCGGAGAGAGACATCAGGACCGAGGAGTCCATTTACCTTGCCTGCTCCTTACCCGA
GCAAGCCCCGAAGTGCCATACATTTCATGACTGAGAGACTTTACGTAGGAGGGGCCATGATGAACAG
CAAGGGACAGTCCTGCGGTTACAGACGTTGCCGCGCCAGCGGAGTGCTCACCACCAGCATGGGGAA
TACCATCACATGCTATGTGAAGGCATTAGCTGCCTGCAAAGCTGCAGGCATCGTTGCTCCACGAT
GCTGGTTTGTGGCGACGATCTGGTCATCATCTCAGAGAGTCAGGGAACCGAGGAGGATGAGCGGAA
CCTGAGAGTC

SEQ ID NO. 75 (FR13, 2k)

CGNACANCCCTCCAGGCCCCCCCCCTCCCGGGAGAGCCATAGTGGTCTGCGGAACCGGTGAG
TACACCGGAATTGCCGGGAAGACTGGGTCTTTCTTGGATAAACCCTCTATGCCCGGC
CATTTGGGCGTGCCCCCGCAAGACTGCTARCCGAGTAGCGTTGGGTTGCGAAAGGCCTTG
TGGTACTGCCTGATAGGGTGCTTGCGAGTGCCCCGGGAGGTCTCGTAGACCGTGTCATCAT
GAGCACAAATCCTAAACCTCAAAGAAAAACCAAAGAAACACTAACC GCCGCCACAGGA
CGTTAAGTTCCCGGGCGGTGGCCAGATCGTTGGCGGAGTATACTTGTGTCNTGCAGGGG
NCCCAGGTNGNGTNTATGCGCAACGANGAAGACTNCCGAACAGTCCCAGCCACGTGGGAG
GCGCCAGCCCATCCCGAAAGATCGGNGCACCCTGGCAAGTCCTGGGGACGTCCAGGATA
TCCCTGGCCCCCTGTATGGGAACGAGGGCCTCGGGTGGGCAGGGTGGCTCCTGTCCCCCGG
GGGCTCCCGCCCGTCATGGGGCCCCACGGACCCCCGGCATAGGTGCGCAACTTGGGTAA
GGTCATCGATACCCTCACGTNCGGCTTTNCCGACCTCATGGGTACATTCCCGTCGTTGG
CGCCCCAGTAGNGGCGTCGCCAGAGCTCTCGCGCATGGCGTGAGAGTCCTGGAGGACGG
GATAAACTATGAAACAGGGAACCTCCCCGGTTGCTCTTTCTCTATCTCCCTCCTTGCTCT
TCTGTCTGAATTACCGNGCCAGTTTCTGCTGTGAAATCAAAAACACCAGMAACACATA
CATGGTGACTAACGACTGTTCAAACAGYAGCATCACCTGGCAGCTTNNGNNGCGGTGCT
TCACGTTCCCTGGATGCGTCCCCGTGTGAACGAGAGGGCAACAGTTCCCGGTGCTGGATTCC
AGTCACGCCCRACGTAKNCGTGAGCCGACCTGGTGGCCCTAACCGAGGGTTTGCGATCGCA
CATCGACACCATCGTAGCGTCCGCAACATTTTGTCTGCCCTCTACATAGGGGATGTATG
TGGCGCGATAATGATAGCTGCCCAAGTGGTCATCGTCTCGCCGGAGCATCATCACTTTGT
CCAGGACTGTAAGTGTCCATCTACCCGGGCCACATAACGGGGCCTCGTATGTNG

SEQ ID NO. 77 (FR13, 2k)

ATCCACAGTCACTGAAAGAGACATCAGAGTTGAAGAGTCCGTTTATCTGTCTGTTCACTTCCCGA
GGAGGCCCCGAGCTGCCATACACTCACTAAGTGGAGGCTGTACGTGGGAGGTCCCATGCAGAACAG
CAAGGGGCAATCCTGCGGATACAGGCGCTGCCGCGCCAGCGGGGTGCTCACCCTAGCATGGGGAA
TACTCTCACATGCTACTTGAAGGCCAGGCGGCCTGCAGGGCCGCGGGCATGTTGTCACCCACAAT
GCTGGTGTGTGGCGACGACCTGGTCGTCATCTCAGAGAGTCAGGGGACTGAGAGGGACGAGAACAA
CCTGAGACCT

3 6 / 7 4

Figure 3 - continued

SEQ ID NO. 79 (FR18, 21)

CTCAACAGTCACGGAGAGGGACATCAGGAATGAGGAGTCCATATTCTGGCCTGCTCGTTGCCCGA
GGAGGCCCCGACTGTCATACATTGCTCACTGAGAGACTCTACATAGGCGGGCCGATGATGAACAG
CAAAGGCCAGTCCTGTGGATACAGGCGTTGTGCGGCCAGCGGGGTGTTCACTACTAGCATGGGCAA
TACCATCACGTGCTATGTGAAAGCCATGGCAGCTTGCAGAGCTGCCGGGATTGACGCCCCCACAAT
GTTGGTATGTGGCGACGACCTGGTGGTCATCTCAGAGAGTCAGGGGACCGAGGAGGACGAGCGAAA
TCTGAGAGTC

SEQ ID NO. 81 (PAK64, 3g)

CTCTTGACTCTACTGTCACTGAACAGGATATCAGGGTAGAAGAAGAAATATACCAATGTTGTGACC
TTGAGCCCGGAGGCTAGACGGGCAATCAAATCGCTCACGGAACGGCTTTACGTTGGAGGTCCCATGT
TCAACAGCAAGGGGCTCAAATGCGGATATCGCCGTTGCCGTGCTAGCGGTGTATTGCCCACTAGCT
ACGGTAATAACAATCACCTGCTACATCAAGGCCAGAGCGGCTGCTCGAGCTGCGGGCCTTCAAGACC
CATCATTCCTTGCTGCGGAGATGATTTGGTGGTAGTGGCTGAGAGTTGCGKCGTTGATGAGGAGG
ATAGGGCAGC

SEQ ID NO. 83 (BNL8, 4k)

CTCCACTGTAACCGAAAAGGACATCAGGCCCGAGGAAGAGGTCTATCAGTGTTGTGACCTGGAGCC
CGAAGCTCGCAAGGTTATTACCGCCCTCACAGAAAGACTCTACGTGGGCGGGCCCCATGCACAACAG
CAAGGGAGACCTTTGTGGGTATCGGAGATGCCGCGCAAGCGGCGTCTACACGACCAGCTTCGGAAA
CACACTGACGTGCTACCTCAAAGCCTCAGCTGCTATTAGAGCGGCAGGGCTGAGAGACTGCACCAT
GCTGGTTTTCGGGTGACGACTTGGTCGTCATCGCTGAGAGCGATGGCGTAGAGGAGGATAACCGAGC
CCTCCNAGCC

SEQ ID NO. 85 (BNL12, 41)

CTCCACGGTGACTGAAAAGGACATCAGGGTCGAGGAAGAGATCTATCAATGTTGTGACCTGGARCC
CGAAGCCCCGCAAGCAATATCCGCCCTCACAGAGAGRCTCTACTTGGGCGGGCCCCATGTATAACAG
CAAAGGGGAGCTCTGCGGGTATCGGAGGTGCCGCGCAGCGGAGTGACACCACAAGTTTCGGGAA
CACAGTGACCTGCTATCTTAAGGCCACCGCAGCTACCAGGGCTGCAGGCCTAAAAGACTGCACCAT
GCTGGTCTGCGGTGACGACTTGGTCGTCATCGCCGAGAGCGAGGGCGTAGAGGAGGATTCCCAACC
CCTCCGAGCC

SEQ ID NO. 87 (EG81, 4m)

CTCCACCGTAACCGAAAAGGGACATCAGGGTCGAGGAGGAGGTCTATCAGTGTTGTGATCTGGAGCC
AGAGGCCCGCAAGGCAATATCCGCCCTCACGGAGAGACTCTATGTGGGCGGTCCCATGTTTAAACAG
CAAGGGAGACCTATGTGGCTACCGCAGGTGCCGCGCAAGCGGCGTCTACACCACCAGCTTCGGAAA
CACACTGACCTGCTACCTCAAGGCCACGGCCGCTACCAGAGCGGCCGGCCTGAAGGATTGCACAAT
GCTGGTTTTCGGGGACGACCTGGTTCGTCATCGCAGAGAGCGATGGCGTGGACGAGGACCGCCGAGC
CCTCCAAGCT

SEQ ID NO. 89 (VN13, 7a)

CTCAACAGTCACAGAGCGCGATGTCCAGACGGAGCATGACATCTACCAGTGCTGTAAGTTGGAGCC
CGCAGCACGGACAGCCATCACATCGCTTACTGACCGATTGTACTNCGGTGGTCCCATGTNTAACTC
TAAAGGTCAGGCATGTGGATACCGTAGGTGCAGGGCCAGTGGCGTCTTGACCACCATCCTGGCCAA
TACTCTGACTTGCTACTTGAAAGCTCAGGCGGCATGCAGAGCTGCCGGGCTGAAGGACTTTGACAT
GTTGGTCTGCGGAGACGACCTTGTGCTTATTTTCGGAGAGTTTGGGGGTCTCGGAGGACACTAGTGC
ACTGCGAGCT

Figure 3 - continued

SEQ ID NO. 91 (VN4,7c)

CTCGACAGTCACCGAGCGCGACATCCRCACCGAGCACGACATCTACCAATGCTGCCAACTTGACCC
GGTGGCACGCAAGGCTATTACATCTCTGACTGAGCGGCTGTACTGCGGWGGGCCCCATGATGAACTC
CCGTGGTCAATCATGTGGATAACCGTAGGTGCCGAGCCAGTGGCGTGCTCACCACGAGCTTGGGCAA
TACCCTAACATGCTATTTGAAAGCACAAAGCAGCGTGTAGGGCAGCAAAGCTCAAAAACCTATGACAT
GTTAGTCTGCGGAGACGATCTAGTCGTTATCGCGGAGAGTGGAGGAGTCTCTGAGGATGTTGACGC
CCTGCGAGCA

SEQ ID NO. 93 (VN12,7d)

CTCCTCCGTCACGGAGCGTGACATCCGCACTGAACACGACATCTATCAGTGCTGCCAATTAGATCC
GGTAGCACGGAAAGCCATTACATCTCTTACTGAGCGGCTGTACTGCGGCGGGCCCCATGTACAACCTC
TCGAGGTTCAGTCATGTGGGTACCGCAGGTGCCGGGCTAGTGGTGTCTTCACCACAAGCTTGGGCAA
CACCATGACATGCTACCTGAAGGCTCAGGCGGCTTGTAGGGCAGCRAAGCTCAAAAACCTTTGACAT
GTTGGTCTGCGGAGACGACCTAGTCGTTATTGCTGAGAGCGGAGGAGTCCCTGAGGATGCCGGGGC
CCTGCGAGTC

SEQ ID NO. 95 (FR1,9a)

ATCCACAGTCACGGGGCGCGACATACGCACAGAACNAGACATTTACCTGTCTGCCAGCTCGACCC
AGAGGCCCCGAAAGCCATAAAGTCTCTCACTGAGAGGCTCTATGTGCGGGGGCCCTATGTACAACCTC
AAAGGGCCAACTCTGTGGTCAACGCCGATGCCGAGCAAGCGGAGTACTCCCCACAAGCATGGGTAA
CACCATCACATGCTTCTGAAGGCAACCGCCGCTTGCCGAGCAGCCGGCTTTACAGATTATGACAT
GTTGGTCTGCGGAGACGATTTGGTTGTCTAACTGAGAGTGCTGGAGTCAACGAGGATATCGCTAA
CCTGCGAGCC

SEQ ID NO. 97 (NE98,10a)

CTCCACTGTCACTGAGCAGGACATCAGGGTAGAACTTTCCATCTTTTCAGGCCTGTGACCTCAAGGA
CGAGGCTAGGAGGGTGATAACTTCACTCACGGAGCGGCTTTACTGTGGTGGTCTTATGTTCAACAG
CAAGGGACAACACTGCGGTTACCGCCGCTGCCGTGCTAGTGGGGTGCTACCCACCAGCTTCGGGAA
CACAAATCACCTGTTACATCAAAGCAAAGGCAGCTACCAAAGCTGCCGGAATTA AAAATCCATCATT
CCTTGTCTGCGGAGATGACTTGGTTCGTGATTGCTGAGAGTGCAGGGATCGATGAGGACAAGAGCGC
CTTGAGAGCT

SEQ ID NO. 99 (FR14,11a)

CTCTACCGTCACAGAGAGGGACATACGGACAGAAGAATCCATCTATCTGTCTTGTCAATTGCCTGA
AGAGGCCCCGAAAGCCATTAAATCGCTGACAGAGAGACTATACGTGGGCGGGCCCGATGGAAAACAG
CAAGGGCCAGGCTTGCGGATATAGGCGTTGCCGCGCAAGCGGGGTATTACCCACAAGCTTGGGGAA
CACCATGACTTGTTACATCAAAGCTAAAGCGGCTTGTAAGCCGCTGGCATTGTAGACCCGGTGAT
GCTCGTGTGCGGTGACGACCTAGTGGTCATCTCAGAAAGCAAGGGGGTGAGGAGGACCAGCGGGA
CCTACGAGTC

SEQ ID NO. 101 (FR15,11a)

CTCCACTGTCACTGAGAGAGACATACGGACAGAAGAATCCATCTAYYTGGCTTGTCAATTGCCCGA
AGAGGCCCCGAAAGGCCATTAAATCACTGACAGAGAGACTATACGTGGGCGGGCCCGATGGAAAACAG
CAAAGGGCCAGGCTTGCGGATATAGGCGTTGCCGCGCAAGCGGGGTATTACCCACAAGCTTGGGGAA
CACCATGACTTGTTACATCAAAGGCCAARGCAGCTTGTAAGCYGCTGGCATTGTTGACCCGGTGAT
GCTCGTGTGCGGCGACGACCTAGTGGTCATCTCAGAGAGCAAGGGGGTAGAGGAGGACCAGCGAGA
CCTAC

Figure 3 - continued

38/74

SEQ ID NO. 103 (FR19, 11a)

CGTACAGCCTCCAGGACCCCCCTCCCGGGAGAGCCATAGTGGTCTGCGGAACCGGTGAGTACACC
GGAATTGCCGGGAAGACTGGGTCCCTTTCTTGGATTAACCCACTCTATGCCCGGAGATTTGGGCGTG
CCCCCGCAAGACTGCTAGCCGAGTAGCGTTGGGTTGCGAAAGGCCTTGTGGTACTGCCTGATAGGG
TGCTTGCGAGTGCCCCGGGAGGTCTCGTAGACCGTGCACCATGAGCACGAATCCTAAACCTCAAAG
ACAAACCAAAAGAAACACCAACCGCCGCCACAGGACGTAAAGTTCCCGGGCGGTGGCCAGATCGT
TGGCGGGGTGTACTTGTGCGCGCAGGGGCCCGAGAGTGGGTGTGCGCGCGACGAGAAAGACCTC
GGAGCGGTCCCAGCCGCGTGGGAGGCGCCAACCTATCCCCAAGGTAGGCGCACACCACGGCCGTT

SEQ ID NO. 105 (FR19, 11a)

CTCTACTGTACAGAGAGGGATATACGAACAGAGGAATCCATYATCTGGCTTGTCAATTGCCCGA
AGAGGCCCCGGAAGGCCATCAAATCACTGACAGAGAGACTATACGTGGGCGGCCCGATGGAAAACAG
CAAGGGCCAGGCCTGCGGATACAGGCGTTGCCGCGCAAGCGGGGTATTACCCACAAGCTTGGGGAA
CACCATGACTTGTTACATCAAAGCCAAGGCGGCTTGTAAGCCGCTGGCATTGTTGACCCAGTGAT
GCTCGTGTGCGGCGACGACCTAGTGGTCATCTCAGAAAGCAAGGGGGTGGAGGAGGACCAACGAGA
CCTACGANTC

SEQ ID NO. 2 (BNL1, 1d)

MSTNPKPQRKTKRNTNRRPXXXXXPGGGQIVGGVYLLPRRGPRXGVRATRKTSESRQPRGRRQPIIP
KAXRXEGRSWAQPGYPWPPLYGNEGCGWAXWLLSPRGSRPNWGP

SEQ ID NO. 4 (BNL1, 1d)

DGVNYATGNLPGCSFSIFLLALLSCLTVPXTAHEVRNASGVYHVTNDCSNSSIIYEMDGMIMHYPG
CVPCVREDNHLRCWMALTPTLAVKXASVPTXAIRRHVDLLVGXXTFCSAMYVXDLGCSVFLAGQLF
TFSPRMHHTTQECNCISI

SEQ ID NO. 6 (BNL2, 1d)

MSTNPKPQRKTKRNTNRRPQDVKXPGGGQIVGGVYLLPRRGPRLGVRATRKTSESRQPRDRRQPIIP
KARQSDGXXWAQPGHPWPPLYGNEGCGWAGWLLSPRGSRPWSGP

SEQ ID NO. 8 (BNL2, 1d)

DGVNYATGNLPGCSFSIFLLAFLSCLTVPTTAHEVRNASGVYHLTNDCSNSSIIYEMSGMILHAPG
CVPCVRENNSSRCWMXLTPTLAVKDANVPTAAIRRHVDLLVGTAAFRSAMYVGDLCGSVFLVGQLF
TFSPRLYHTTQECNCISI

SEQ ID NO. 10 (CAM1078, 1e)

MSTNPKPQRKTKRNTNRRPQDVKFPGGGQIVGGVYLLPRRGPRLGVRRAARKTSESRQPRGRRQPIIP
KERRPEGR

SEQ ID NO. 12 (FR2, 1f)

MSTNPKPQRKTKRNTNRRPQDVKFPGGGQIVGGVYLLPRRGPRLGVRATRKTSESRQPRGRRQPIIP
KARRPEGRSWAQPGYPWPPLYANEGCGWAGWLLSPRGSRPWSGPNDRRRSRNLGKVIDTLTCGFAD
LMGYIPLVGAPLGGASRTLXHGVRVLXGGVXXXXXXNLXGCSXXIFLLXLLSCLTVPTSAYEVHSTT
DGYHVTNDCSNGSIVYEAKDIIILHTPGXVPCIREGNI SRCWVPLTPTLAARIANAPIDEVRRHVDL
LVGAAVFCSAMYGDLCCGVFLVGQLFTFTSRRHWT
VQDCNCISIYSGHITGHXXX

SEQ ID NO. 14 (BNL3, 2e)

MSTNPKPQRKTKRNTNRRPQDVKFPGGGQIVGGVYLLPRRGPRLGVRATRKTSESRQPRGRRQPIIP
KDRXATGRSWGRPGYPWPPLYGNEGLGWAGWLLSPRGSRPWSG

SEQ ID NO. 16 (BNL3, 2e)

TCXXADLMGYXPVVGAPVGGXARALAXGVRVLEDGINYXTGNLPGCSFSIFXLALLSCVTVPVSVXV
EVKNTSQAAYMATNDCSNNSIVWQLXDAVLHVP GCVP CENS SGRFHCWIPISPNI AVSKPGALTKGL
RARIDAVVMSATLCSALYVGDVCGAVMIAAQAFIVAPKRHYFVQECNCISIYPGHITGHRMA

39/74

Figure 3 - continued

SEQ ID NO. 18 (FR4, 2f)

MSTNPKPQRKTKRNTNRRPQDVKFPGGGQIVGGVYLLPRRGPRLGVRAPRKTSESRQPRGRRQPI
KDRRATGKSWGRPGYPWPLYGNEGLGWAGWLLSPRGSRPSWGPNDPRHRSRNLGKVIDTLTCGFXD
LMGYIPVVGAPVGGVARALAHGVRVLEDGINYATGNLPGCSFSIFLLALLSCITVPVSAIQVKNS
HFYMATNDCANDSIVWQLRDAVLHVPGCVP CERSGNRTFCWTAVSPNVAVS RPGALTRGLRAHIDT
IVMSATLCSALYIGDLGAVMIAAQVAVVSPQYHTFVQECNCSIYPGHITGHRMX

SEQ ID NO. 20 (BNL4, 2g)

DGVNYATGNLPGCSFSIFLLALLSCVTVPVSAVQVKNTSTMYMATNDCSNNSIIWQM QGAVLHVPG
CVPCELQGNKSRWCIPVTPNVAVNQPGALTRGLRTHIDTIVMVATLCSALYIGDVC GAVMIAAQV
IVSPQHNFSDQCNCISI

SEQ ID NO. 22 (BNL5, 2h)

MSTNPKPQRKTKRNTNRRPQDVKFPGGGRSLAEYTCARRGKLRRSSMG

SEQ ID NO. 24 (BNL5, 2h)

DGINYATGNLPGCSFSIFLLALLSCLTVPASAVQVKNTSHSYMVTNDCSNSSIVWQLKDAVLHVPG
CVP CERHQNSRCWIPVTPNVAVSQPGALTRGLRTHIDTIVASATVCSALYVGDFCGAVMLVSQFF
MISPOHHIFVQDCNCISI

SEQ ID NO. 26 (BNL6, 2i)

DGINYATGNLPGCSFSIFLLALLSCITVPVSAVQVANRSGSYMVTNDCSNSSIVWQLEEA VLHVPG
CVPCEWKDNTSRCWIPVTPNIAVSQPGAXTKGLRTHIDIIVASATFCSALYV

SEQ ID NO. 28 (BNL7, 4k)

MSTNPKPQRKTKRNTNRRPMDVKFPGGGQIVGGVYLLPRRGPRLGVRATRKTSERSQPRGRRQPI
KARRSEGRSWAQPGYPWPLYGNEGCGWAXWLLSPRGSRPSWGPNDPRRRSR

SEQ ID NO. 30 (BNL7, 4k)

DGINFATGNLPGCSFSIFLLALLSCLTVPASAINYRNVSGIYYVTNDCPNSSIVYEADHHILHLP
GCVPCVREGNQSRCWVALTPTVAAPYIGAPLESLSHVDLMVGAATVCSALYIGDXCXGLFLVGQMF
SFRPRRHWTQDCNCISI

SEQ ID NO. 32 (BNL8, 4k)

DGINYATGNLPGCSFSIFLLALLSCLTVPASAINYRNTSGIYHVTNDCPNSSIVYEADHHILHLP
GCVPCVRTGNQSRCWVALTPTVAAPYIGAPLESLSHVDLMVGAATVCSALYIGDL CGGLFLVGQMF
SFRPRRHWTQDCNCISI

SEQ ID NO. 34 (BNL9, 4k)

DGINYATGNLPGCSFSIFLLALLSCLTVPASAINYHNTSGIYHITNDCPNSSIVYEADHHILHLP
GCVPCVRVGNQSSCWVALTPTTAAAPYIGAPLESLSHVDLMVGAATVCSALYIGDL CGGAFLVGQMF
SFRPRRHWTQDCNCISI

SEQ ID NO. 36 (BNL10, 4k)

DGINYATGNIPGCXFSIFLXALLSCLTVPASATNYRNVSGIYHVTNDCPNSSIVYEADHHILALPG
GCVPCVRVGNQSRCWVALTPTVAAPYTAAPLESLSHVDLMVGAATVCSALYIGXLCGGLFLVGQMF
SXQPRRHWTQDCNCISI

SEQ ID NO. 38 (BNL11, 4k)

DGINYATGXLPGCSFSIFLLALLSCLTVPASATNYRNVSGIYHVTNDCPNSSIVFEADHHILHLP
GCVPCVKEGNHSRCWVALTPTVAAPYIGAPLESLSHVDLMVGAATVCSALYIGDL CGGLFLVGQMF
SFRPRRHWTQECNCISI

SEQ ID NO. 40 (BNL12, 4l)

DGINYATGNLPGCSFSIFILALLSCLTVPASAQHYRNVSGIYHVTNDCPNSSIVYESDHHILHLP
GCVPCVKTGNTSRCWVALTPTVAAPILSAPLMSVRRHVDLMVGAATLSSALYVGDL CGGAFLVGQMF
TFQPRRHWTQDCNCISI

Figure 3 - continued

SEQ ID NO. 46 (VN13, 7a)

MSTLPPKQPKTKRNTNRRPQDVKFPGGGQIVGGVYLLPRRGPRLGVRATRKTSESRQPRGRRQPIIP
KVRHQGTGRWAQPGYPWPPLYGNEGCGWAGWLLSPXGSRPNWGPNDPRXRSRNLGKVIDTLTXXFAD
LIEYI

SEQ ID NO. 44 (VN4, 7c)

MSTLPPKQPKTKRNTIRRPQDVKFPGGGQIVGGVYLLPRRGPRLGVRATRKTSESRQPRGRRQPIIP
KVRHQGTGRWAQPGYPWPPLYGNEGCGWAGWLLSPRGSRPNWGPNDPRRRSRNLGKVIDTLTCGFAD
LMGYIPVVGAPXGGVAXALAHGVXXIEDXVNYATXNLPXXSXSIXLLALLSCLTTPASAAHYTNKS
GLYHLTNDPCNSSIVYEAE TLILHLP GCVPVCV KXXNQSRCWVQASPTLAVPNASTPVTGFRKHVDI
MVGAAAFCSAMYVGDLCGGLFLVGQLFTLRPRMHQVVQECNC SIYTG HITGHRMA

SEQ ID NO. 48 (VN12, 7d)

MSTLPPKQPKTKRNTNRRPMDVKFPGGGQIVGGVYLLPRRGPRLGVRATRKTSESRQARGRRQPIIP
KVRQNOGRTWAQPGYPWPPLYGNEGCGWAGWLLSPRGSRPDWXPNDPRXRSRNLGKVIDTLTCGFAD
LMEYIPVVGAPLGGVAAELXHGVR AIEDGINYATGNLPGCSFSIFXLALLSCLTTPASALNYANKS
GLYHLTNDPCNSSIVYEANGMILHLP GCVPVCV KTNLT KCWLSASPTLAVQNASVSIRGVREHVDL
LVGAAAFCSAMYVGDLCGGLFLVGQLFTFRPRMYEIAQDCNC SIYAG HITGHRMA

SEQ ID NO. 42 (FR1, 9a)

MSTLPPKQPKTKRNTNRRPMDVKFPGGGQIVGGVYLLPRRGPRLGVRATRKTSESRQPRGRRQPIIP
KVRQPTGRSWGQPGYPWPPLYGNEGCGWAGWLLSPRGSRPNWGPNDPRRRSRNLGKVIDTLTXXLAD
LMGYIPVLGGPLGGVAAALAHGVRAIEDGVNYATGNLPGCSFSIFLLALLSCLTTPASAIQVKNAS
GIYHLTNDCSNNSIVFEAETMILHLP GCVPVCV KAGNESRCWLPVSPTLAVPNSSVPIHGFRRHVDL
LVGAAAFCSAMYIGDLCGSIILVGQLFTFRPKYHQVTQDCNC SXNXGHVTGHRMA

SEQ ID NO. 50 (NE98, 10a)

MSTLPPKQPKTKRNTNXRPQDVKFPGGGQIVGGVYLLPRRGPRLGVRATRKTSESRQPRSRQPIIP
RARRTEGRSWAQPGYPWPPLYGNEGCGWAGWLLSPRGSRPSWGPNDPRRR

SEQ ID NO. 52 (NE98, 10a)

DGINFATGNLPGCSFSIFLLALFSCLLTPTAGLEYRNASGLYMTNDCSNGSIVYEAGDIILHLP
CVPCVRSNTSRCWIPVSXTVAVKSPCAATASLRTHVDMVMXAATLCSALYVGDLGALFLXGQGF
SWRHRQHWTVQDCNC SI

SEQ ID NO. 54 (BNL1, 1d)

STVTENDIRVEESIYQCCDLAPEARKAIAKSLTERLYIGGXLTNSKGQNCGYRRCRASGVLTTSCGN
TLTCYLKARAACRAAKLRDCTMLVCGDDLIVICESAGVEEDAANLRA

SEQ ID NO. 56 (BNL2, 1d)

STVTENDIRTEXSIYQCCDLAXEARKAIAKSLTERLYVGGPLTNSKGQNCGYRRCRASGVLTTSCGN
TLTCYLKARAACRAAKLQDCTMLVCGDDLIVICESAGVEEDAANLRV

SEQ ID NO. 58 (FR17, 1d)

STVTENDIRVEESIYQCCDLAPEARKAIAKSLTERLYIGGXLTNSKGQNCGYRRCRASGVLTTSCGN
TLTCYLKARAACRAAKLQDCTMLVCGDDLIVICESXGVEEDAANLRV

41/74

Figure 3 - continued

SEQ ID NO. 60 (CAM1078, 1e)

MSTNPKPQRKTKRNTNRRPQDVKFPGGGQIVGGVYVLPRLGVRRAARKTSERSQPRGRRQPIPKERRPEGRSWAQPGYPWPLYGNEGCGWAGXLLSPRGSRPSWGPTDPRRRSRNLGKVIDTLTLCXFADLMGYIP

SEQ ID NO. 62 (CAM1078, 1e)

STVTEADIRTEESIIYQCCDLHPEARVAIKSLTERLYVGGPLTNSKGENCYRRCRASGVLTTSCGNTLTCYIKALAAACRAAKLQDCTMLVCGDDLVVICESVGTQEDAASLRA

SEQ ID NO. 64 (FR2, 1f)

STVTESDIRTEESIIYQCCDLDPARKAIRSLTERLYIGGPLTNSKGQNCYRRCRASGVLTTSCGNTLTCYIKARAACRAAKLQDCSMLVCGDDLVICEIEGXXEDPSXXXX

SEQ ID NO. 66 (FR16, 1g)

MSTNPKPQRKTKRNTNRRPQDVKFPGGGQIVGGVYLLPRLGVRATRKTSERSQPRGRRQPIPKARRSEGRSWAQPGYPWPLYGNEGCGWAGWLLSPHGSRPSWGPTDPRRRSRNLGKVIDTLTCGFADLMGYIPLVGAPLGGVARALAQGFRDL

SEQ ID NO. 68 (FR16, 1g)

XXVTESDIRVEESIIYQCCDLAPEARVAIKSLTERLYVGGPLTNSKGQNCYRRCRASGVLTTSCGNTLTCYLKAAAACRAAKLRECTMLVCGDDLVVICESAGVQEDAASXXX

SEQ ID NO. 70 (BNL3, 2e)

STVTERDIXTEESIIYQACSLPEQARTAIHSLTERLYVGGPMMNSKGQSCGYRHCRASGVLTTSMGNTITCYIKALAAACKAAGIVAPTMLVCGDDLVIISSESQGVVEEDDRNLXX

SEQ ID NO. 72 (FR4, 2f)

STVTERDIRTEESIIYLACSLPEQARTAIHSLTERLYVGGPMMNSKGQSCGYRRCRASGVLTTSMGNTITCYVKALAAACKAAGIVAPTMLVCGDDLVIISSESQGAEEEDERNLRV

SEQ ID NO. 74 (BNL5, 2h)

STVAERDIRTEESIIYLACSLPEQARTAIHSLTERLYVGGPMMNSKGQSCGYRRCRASGVLTTSMGNTITCYVKALAAACKAAGIVAPTMLVCGDDLVIISSESQGTTEEDERNLRV

SEQ ID NO. 76 (FR13, 2k)

MSTNPKPQRKTKRNTNRRPQDVKFPGGGQIVGGVYLLXCRXPRXXCATXKTXEQSQPRGRRQPIPKDRXTTGKSWGRPGYPWPLYGNEGLGWAGWLLSPRGSRPSWGPTDPRHRSRNLGKVIDTLTXGFXDLMGYIPVVGAPVXGVARALAHGVRVLEDGINYETGNLPGCSFSISLLALLSITXPVSAVEIKNTXNTYMTVNDCSNXSITWQLXXAVLHVPGCVPCEREGNSSRCWIPVTPXVXVSRPGALTEGLRSHIDTIVASATFCSALYIGDVCGAIMIAAQVVIVSPEHHHFVQDCNCSIYPGHITGPRMX

SEQ ID NO. 78 (FR13, 2k)

STVTERDIRVEESVYLSLSCSLPEEARAAIHSLTERLYVGGPMQNSKGQSCGYRRCRASGVLTTSMGNTITCYLKAQAACRAAGIVAPTMLVCGDDLVIISSESQGTTERDENNLRP

42/74

Figure 3 - continued

SEQ ID NO. 80 (FR18,21)

STVTERDIRNEESIFLACSLPEEARTVIHSLTERLYIGGPMNSKQSCGYRRCRASGVFTTSMGN
TITCYVKAMAAACRAAGIDAPTMLVCGDDLVISESQGTEDERNLRV

SEQ ID NO. 82 (PAK64,3g)

STVTEQDIRVEEEIYQCCDLEPEARRAIKSLTERLYVGGPMFNSKGLKCGYRRCRASGVLPSTSYGN
TITCYIKARAAARAAGLQDPSFLVCGDDLVVVAESCXVDEEDRAALR

SEQ ID NO. 84 (BNL8,4k)

STVTEKDIRPEEEVYQCCDLEPEARKVITALTERLYVGGPMHNSKGDLCGYRRCRASGVYTTSTFGN
TLTCYLKASAAIRAAGLRDCTMLVCGDDLVVIAESDGVVEDNRLXA

SEQ ID NO. 86 (BNL12,41)

STVTEKDIRVEEEIYQCCDLXPEARKAISALTEXLYLGGPMYNSKGEELCGYRRCRASGVYTTSTFGN
TVTCYLKATAATRAAGLKDCTMLVCGDDLVVIAESESGVEEDSQPLRA

SEQ ID NO. 88 (EG81,4m)

STVTERDIRVEEEVYQCCDLEPEARKAISALTERLYVGGPMFNSKGDLCGYRRCRASGVYTTSTFGN
TLTCYLKATAATRAAGLKDCTMLVCGDDLVVIAESDGVVEDRRALQA

SEQ ID NO. 90 (VN13,7a)

STVTERDVQTEHDIYQCCCKLEPAARTAITSLTDRLYXGGPMXNSKQACGYRRCRASGVLTITILAN
TLTCYLKAQAACRAAGLKDFDMLVCGDDLVISESLGVSEDT SALRA

SEQ ID NO. 92 (VN4,7c)

STVTERDIXTEHDIYQCCQLDPVARKAITSALTERLYCXGPMNSRGQSCGYRRCRASGVLTSTLGN
TLTCYLKAQAACRAAKLKNDMLVCGDDLVVIAESGGVSEDVDALRA

SEQ ID NO. 94 (VN12,7d)

SSVTERDIRTEHDIYQCCQLDPVARKAITSALTERLYCGGPMYNSRGQSCGYRRCRASGVFTTSLGN
TMTCYLKAQAACRAXKLKNFDMMLVCGDDLVVIAESGGVPEDAGALRV

SEQ ID NO. 96 (FR1,9a)

STVTGRDIRTEXDIYLSCQLDPEARKAIKSLTERLYVGGPMYNSKQQLCGQRRCRASGVLPSTSMGN
TITCFLKATAACRAAGFTDYDMLVCGDDLVVVTESAGVNEDIANLRA

SEQ ID NO. 98 (NE98,10a)

STVTEQDIRVELSIFQACDLKDEARRVITSALTERLYCGGPMFNSKQHCGYRRCRASGVLPSTSTFGN
TITCYIKAKAATKAAGIKNPSFLVCGDDLVVIAESAGIDEDKSALRA

SEQ ID NO. 100 (FR14,11a)

STVTERDIRTEESIYLSCQLPEEARKAIKSLTERLYVGGPMENSKGQACGYRRCRASGVFTTSLGN
TMTCYIKAKAACKAAGIVDPVMLVCGDDLVISESKGVEEDQRDRLV

Figure 3 - continued

43/74

SEQ ID NO. 102 (FR15,11a)

STVTERDIRTEESIXXACQLPEEARKAIKSLTERLYVGGPMENSKGQACGYRRCRASGVFTTSLGN
TMTCYIKAXAACKXAGIVDPVMLVCGDDLVI SESKGVEEDQRDLXX

SEQ ID NO. 104 (FR19,11a)

MSTNPKPQRQTKRNTNRRPQDVKFPGGGQIVGGVYLLPRRGPRVGVRATRKT SERSQPRGRRQPIP
KVRRTTGR

SEQ ID NO. 106 (FR19,11a)

STVTERDIRTEESXYLACQLPEEARKAIKSLTERLYVGGPMENSKGQACGYRRCRASGVFTTSLGN
TMTCYIKAKAACKAAGIVDPVMLVCGDDLVI SESKGVEEDQRDLRX

44/74

Figure 4. Core/E1 amino acid alignment

Isolate	Type	SEQ ID	1	50
HCV-1	1a		MSTNPKPQKKNKRNTRRPQDVKFPGGQIVGGVYLLPRRGPRLGVRATR	
HCV-J	1b		-----R-T-----	
BNL1	1d	2	-----R-T-----XXXXX-----X-----	
BNL2	1d	6	-----R-T-----X-----	
CAM1078	1e	10/60	-----R-T-----V-----A-----	
FR2	1f	12	-----R-T-----	
FR16	1g	66	-----R-T-----I-----	
HC-J6	2a		-----R-T-----	
HC-J8	2b		-----R-T-----	
CH610	2c		-----R-T-----	
NE92	2d		-----R-T-----	
BNL3	2e	14	-----R-T-----	
FR4	2f	18	-----R-T-----	
FR13	2k	76	-----R-T-----XC-X-XXXC-X	
EB1	3a		-----R-T-----I-----V-----C-----	
N2L1	3a		-----R-T-----I-----V-----	
HCV-TR	3b		-----RQT-----L-----N-----V-----	
GB358	4c		-----R-T-----M-----	
DK13	4d		-----R-T-----M-----	
CAM600	4e		-----R-T-----M-----	
GB809	4e		-----L-R-T-----M-----	
HPCCOREEZA	4?		-----T-----	
HPCCOREZB	4?		-----T-----M-----	
HPCCOREZC	4?		-----M-----	
GB724	4?		-----R-T-----M-----	
BNL7	4k	28	-----R-T-----M-----	
BE95	5a		-----R-T-----M-----M-----	
HK2	6a		-----L-----T-----	
VN13	7a	46	-----L-----	
VN4	7c	44	-----L-----I-----	
VN12	7d	48	-----L-----M-----	
FR1	9a	42	-----L-----M-----	
NE98	10a	50	-----L-----R-T-----X-----V-----Q-----V-----	
FR19	11a	104	-----RQT-----	

45/74

T06050" BETTS860

Isolate	Type	SEQ ID	core-V	100
HCV-1	1a	51	KTSESRQRRRQPIPKARPEGRRTWAQPGYPWPLYGNEGCGWAGWLLSP	
HCV-J	1b		-----M-----	
BNL1	1d	2	-----X-X-S-----X-----	
BNL2	1d	6	-----D-----QSD-XX-H-----	
CAM1078	1e	10/60	-----E-S-----A-----X-----	
FR2	1f	12	-----S-----	
FR16	1g	66	-----S-S-----M-----	
HCJ6	2a		-----D-ST-KS-GK-----L-----	
HCJ8	2b		-----D-ST-KS-GK-----L-----	
CH610	2c		-----D-TT-KS-GR-----L-----	
NE92	2d		-----D-TT-KS-GK-----L-----	
BNL3	2e	14	-----D-XAT-S-GR-----L-----	
FR4	2f	18	-----D-AT-KS-GR-----L-----	
FR13	2k	76	-----D-XTT-KS-GR-----L-----	
EB1	3a		-----S-S-----	
NZL1	3a		-----S-S-----	
HCV-TR	3b		-----KQ-HL-SR-S-----K-L-----	
GB358	4c		-----S-S-----	
DK13	4d		-----QL-S-----	
CAM600	4e		-----T-S-----	
GB809	4e		-----S-S-----	
BNL7	4k	28	-----S-S-S-----X-----	
HPCCOREEZA	4?		-----S-S-S-F-----	
HPCCOREZB	4?		-----S-S-----	
HPCCOREZC	4?		-----S-S-S-----K-----	
GB724	4?		-----S-S-S-A-----	
BE95	5a		-----Q-T-S-G-----A-L-----	
HK2	6a		-----Q-Q-H-----	
VN13	7a	46	-----V-HQT-----	
VN4	7c	44	-----V-HQT-----	
VN12	7d	48	-----A-----V-QNQ-----	
FR1	9a	42	-----V-Q-T-S-G-----	
NE98	10a	50	-----S-R-T-S-----	
FR19	11a	104	-----V-TT-----	

46/74

T06050" GETT5860

Isolate	Type	SEQ ID	101	150
HCV1	1a		RGSRPSWGPTDPRRRSRNLGKVIDTLTCGFADLMGYIPLVGAPLGGAARA	
HCV-J	1b			
BNL1	1d	2	---N---	
BNL2	1d	6	---	
CAM1078	1e	10/60	-----X-----	
FR2	1f	12	-----N-----	---S-T
FR16	1g	66	H-----S-----	-----V-----
HC-J6	2a		-----N-----H-----V-----	-----V-----
HC-J8	2b		-----T-----H-----R-----I-----	-----V-----V-----
CH610	2c		-----H-----H-----	-----V-----V-----
NE92	2d		-----H-----H-----	-----V-----V-----
BNL3	2e	14/16	-----XX-----	-----V-----V-----
FR4	2f	18	-----N-----H-----	-----V-----V-----
FR13	2k	76	-----H-----H-----X-----X-----	-----V-----VX-V-----
HCV-TR	3b		-----N-----F-----	-----V-----V-----
GB116	4c		-----N-----	-----V-----V-----
DK13	4d		-----N-----X-----	-----V-----V-----
CAM600	4e		-X-X-----N-----	-----V-----V-----
GB809	4e		-----N-----	-----V-----V-----
G22	4f		-----	-----V-----V-----
GB549	4g		-----	-----V-----V-----
GB438	4h		-----	-----V-----V-----
BNL7	4k	28	-----N-----	-----V-----V-----
BE95	5a		-----N-----N-----K-----	-----G-I-----V-----
HK2	6a		-----H-----N-----	-----V-----V-A-----
VN13	7a	46	X-----N-----X-----XX-----IE-----	-----V-----V-----
VN4	7c	44	-----N-----N-----	-----V-----V-X-----
VN12	7d	48	-----D-X-N-----X-----	-----E-----V-----V-AE-----
FR1	9a	42	-----N-----N-----XXL-----	-----VL-G-----V-A-----
NE98	10a	50	-----N-----	-----V-----V-----

SUBSTITUTE SHEET (RULE 26)

47/74

T06050"RET15850

Isolate	Type	SEQ ID	V1
HCV1	1a	151	LAHGVRLVDGVNYATGNLPGCSFIFLLALLSCLTVPASAYQVRNSTGL
HCV-J	1b		-----I-----E-----VS-I
BNL1	1d	4	-----XT-HE-----AS-V
BNL2	1d	8	-----TT-HE-----AS-V
FR2	1f	12	-X-----XG-----XX-----X-----E-HST-DG
FR16	1g	66	--Q-F-D-
HC-J6	2a		-----F-----I-T-V-----AE-K-ISTG
HC-J8	2b		-----I-----V-----V-----VE-----ISSS
CH610	2c		-----I-----S-----IS-----V-----VE-K-TSTS
S83	2c		VE-KDTGDS
NE92	2d		-----I-----I-----V-GL-----K-TSSS
BNL3	2e	16	--X-----I-X-----V-----V-XVE-K-TSQA
FR4	2f	18	-----I-----I-----V-----I-----K-NSHF
BNL4	2g	20	-----V-----V-----V-----K-TSTM
BNL5	2h	24	-----I-----I-----V-----V-----K-TSHS
BNL6	2i	26	-----I-----I-----V-----V-----A-RS-S
FR13	2k	76	-----I-E-----S-----/I-X-V-----VEIK-TXNT
BR36	3a		LEW--TS--
HCV-TR	3b		-----A-G-----F-----C-----GLEYT-TS--
Z4	4a		EHY--AS-I
GB809-4	4a		EHY--AS-I
Z1	4b		VHY--AS-V
GB116	4c		-E-----AV-----I-----S-----T-----VNY--AS-V
GB215	4c		IHY--AS-V
GB358	4c		VNY--AS-I
DK13	4d		-----L-----NY-----S-V
CAM600	4e		-----AV-----I-----T-----VNY--AS-I
GB809-2	4e		-----AV-----I-----GVNY--AS-V
CAMG22	4f		-----AV-----I-----VHYH-TS-I
CAMG27	4f		VHYH-TS-I
GB549	4g		-----AV-----I-----QHY--IS-I
GB438	4h		-----AV-----I-----V-----R-----QHY--AS-I
BNL7	4k	30	--I-F-----I-----IN-----VS-I
BNL8	4k	32	--I-----I-----IN-----VS-I
BNL9	4k	34	--I-----I-----IN-----VS-I
BNL10	4k	36	--I-----I-----X-----X-----TNY--VS-I

4 8 / 7 4

T06050" BFTK5360

BNL11	4k	38	--I--X-----	TNY--VS-I
BNL12	41	40	--I-----	QHY--VS-I
BE95	5a		--I-----	VPY--AS-I
BE100	5a			VPY--AS-I
HK2	6a		---AI---I---	LTYG--S--
VN4	7c	44	---XXI-X---X-	AHYT-KS--
VN12	7d	48	-X---AI---I-	LNVA-KS--
FR1	9a	42	---AI---	I--K-AS-I
NE98	10a	52	--I-F-----F--LT-	TAGLEY--AS--

Isolate	Type	SEQ ID	V1	V2	V3	V4
HCV-1	1a	201	YHMTNDCPNSSIVYEAADAILHTPGCVPCVREGNASRCWVAMPTVATRD			250
HCV-J	1b		---	---	---	---
BNL1	1d	4	---	---	---	---
BNL2	1d	8	---	---	---	---
FR2	1f	12	---	---	---	---
HC-J6	2a		---	---	---	---
HC-J8	2b		---	---	---	---
CH610	2c		---	---	---	---
S83	2c		---	---	---	---
NE92	2d		---	---	---	---
BNL3	2e	16	---	---	---	---
FR4	2f	18	---	---	---	---
BNL4	2g	20	---	---	---	---
BNL5	2h	24	---	---	---	---
BNL6	2i	26	---	---	---	---
FR13	2k	76	---	---	---	---
BR36	3a		---	---	---	---
HCVTR	3b		---	---	---	---
Z4	4a		---	---	---	---
GB809-4	4a		---	---	---	---
Z1	4b		---	---	---	---
GB116	4c		---	---	---	---
GB215	4c		---	---	---	---
GB358	4c		---	---	---	---
DK13	4d		---	---	---	---
CAM600	4e		---	---	---	---
GB809-2	4e		---	---	---	---
CAMG22	4f		---	---	---	---
CAMG27	4f		---	---	---	---
GB549	4g		---	---	---	---
GB438	4h		---	---	---	---
BNL7	4k	30	---	---	---	---
BNL8	4k	32	---	---	---	---
BNL9	4k	34	---	---	---	---
BNL10	4k	36	---	---	---	---
BNL11	4k	38	---	---	---	---

106050" BFTT5860

BNL12	41	40	-----SDHH-----L-----KT--T-----L-----API
GB724	4x		--I-----V-----TDHH-----L-----T--V-----TPV-----AVS
BE95	5a		-----DNL-----A-----MT--V-----QI-----LSAPS
BE100	5a		-----D--L-----A-----KD-V-----QI-----LSAPS
HK2	6a		--L-----L--DAM--L--L-----VDDR-T--H--V-----L-IPN
VN4	7c	44	--L-----ETL-----L-----KXX-Q-----QAS--L--VPN
VN12	7d	48	--L-----NGM-----L-----KT--LTK--LSAS--L--VQN
FR1	9a	42	--L-----S-N--F--ETM--L-----IKA--E-----LPVS--L--VPN
NE98	10a	52	-M-----S-G-----G-I--L-----S--T-----IPVSX---VKS

3 1 / 7 4

T06050" BFT5350

Isolate	Type	SEQ ID	V4		V5	
			251	300		
HCV-1	1a		GKLPATQLRRHIDLLVGSATLCSALYVGDLGVSFLVGQLFTFSPRRHWT			
HCV-J	1b		SSI-T-TI--V--A-A--M--S--			YE--
BNL1	1d	4	ASV-TXAI--V--XX-F--M-X--A--			M-H--
BNL2	1d	8	ANV-TAAI--V--T-AFR--M--			LYH--
FR2	1f	12	ANA-IDEV--V--A-VF--M-I--G--			TS--
HC-J6	2a		PGALTQG--T--MV-M--			G-M-AA-M-IV--QH--F
HC-J8	2b		RGALTRS--T-V-MI-MA--A--			V--A-MILS-A-MV--Q--NF
CH610	2c		PGTLTKG--A-V-VI-M--			V--ALMIAA-AVIA--Q--TF
S83	2c		PGALTKG--A--II-M--V--			V--ALM-AA-VVV--QH--TF
NE92	2d		PGALTKG--T--TIIA--F--			I--A-M-AS-V-II--QH--KF
BNL3	2e	16	PGALTKG--AR--AV-M--			V--A-MIAA-A-IVA--K--YF
FR4	2f	18	PGALTRG--A--TI-M--			I--A-MIAA-VAVV--QY--TF
BNL4	2g	20	PGALTRG--T--TI-MV--			I--V--A-MIAA-VVIV--QH--NF
BNL5	2h	24	PGALTRG--T--TI-A--V--			F--A-M--S-F-MI--QH--IF
BNL6	2i	26	PGAXTKG--T--II-A--F--			
FR13	2k	76	PGALTEG--S--TI-A--F--			I--V--AIMIAA-VVIV--EH--HF
BR36	3a		VGATTASI-S-V--A-M--			M--A--A--R--Q--
HCVTR	3b		LGVTTASI-T-V-M--ARQ--			AF--A--A--R--T--
Z4	4a		PGA-LESEF--V-M-A--V-V--			GA--M-MI--R--
GB809-4	4a		MDA-LESEF--V-M-A--V-V--			GA--M--Q--
Z1	4b		PNA-LESM--V-M-A--M--F-I--			G--D-R--
GB116	4c		VGA-LES--S-V-M-A--V--I--			G--M-S-Q--
GB215	4c		IGA-VESF--V-MM-A--V--I--			G--M-S-R--
GB358	4c		IGA-LES--S-V-M-A--A--I--			G--M-S-Q--
DK13	4d		LNA-LES--V-M-G--I--V--G--			Q--
CAM600	4e		AGA-LEP--V-M-A--M--I--GL--			M--Q--
GB809-2	4e		VGA-LEP--V-M-A--V--GL--			M--Q--
CAMG22	4f		LGA-LESM--V-M-T--			GI--A--M--R--L--
CAMG27	4f		IGA-LESM--V-M-T--			GI--M-N-R--L--
GB549	4g		VGA-LESM--V-M-A--V--I--			G--M--R--
GB438	4h		LGA-L-SV-Q-V-M-A--A--I--H--G--A--MVS-Q--			
BNL7	4k	30	IGA-LES--S-V-M-A--V--I--X-XGL--			M-S-R--
BNL8	4k	32	IGA-LES--S-V-M-A--V--I--GL--			M-S-R--
BNL9	4k	34	IGA-LES--S-V-M-A--V--I--GA--			M-S-R--
BNL10	4k	36	TAA-LES--S-V-M-A--V--I--X--GL--			M-SXQ--
BNL11	4k	38	IGA-LES--S-V-VM--A--V--I--GL--			M-S-R--

52/74

T06050 "BETTESO

BNL12	41	40	LSA-LMSV---V--M--A--S-----GA-----M--Q-----
GB724	42		VDA-LESE---V--M--A-----V-----GA-----M--Q-----
BE95	5a		LGAVTAP---AV-Y-A-G-A-----A--AL-----M--YR--Q-A--
BE100	5a		FGAVTAP---AV-Y--G-A-----A--AL-----M--YR--Q-A--
HK2	6a		AST---GF---V---A-A-VV--S--I-----L--A-----Q-----
VN4	7c	44	AST-V-GF-K-V-IM--A-AF---M-----GL-----LR--M-QV
VN12	7d	48	ASVSIRGV-E-V-----A-AF---M-----GL-----R--MYEI
FR1	9a	42	SSV-IHGF---V-----A-AF--M-I-----I I-----R-KY-QV
NE98	10a	52	PCAATAS--T-V-MM-XA-----AL--X--G-SWRH-Q----

5 3 / 7 4

T06050 "BET5860

Isolate	Type	SEQ ID	V5	319
HCV-1	1a	301	TQGCNCSIYPGHITGHRMA	
HCV-J	1b		V-D-----VS-----	
BNL1	1d	4	--E-----	
BNL2	1d	8	--E-----	
FR2	1f	12	V-D-----S-----XXX	
HC-J6	2a		V-D-----T-----	
HC-J8	2b		--E-----Q-----	
CH610	2c		V-E-----R-----X	
S83	2c		V-E-----R-----	
NE92	2d		V-D-----	
BNL3	2e	16	V-E-----	
FR4	2f	18	V-E-----X	
BNL4	2g	20	S-D-----	
BNL5	2h	24	V-D-----	
FR13	2k	76	V-D-----P-X	
BR36	3a		V-T-----L-----LS-----	
HCVTR	3b		V-T-----VS-----	
Z4	4a		--E-----T-----	
GB809-4	4a		--D-----T-----	
Z1	4b		--D-----VS-----	
GB116	4c		--D-----A-V-----	
GB215	4c		--D-----A-----G-----	
GB358	4c		--D-----A-V-----	
DK13	4d		--D-----T-----	
CAM600	4e		--D-----T-----	
GB809	4e		--D-----A-----	
CAMG22	4f		--E-----T-----	
CAMG27	4f		--E-----	
GB549	4g		--D-----D-----	
GB438	4h		--D-----V-----	
BNL7	4k	30	--D-----	
BNL8	4k	32	A-D-----	
BNL9	4k	34	--D-----	
BNL10	4k	36	--D-----	
BNL11	4k	38	--E-----	
BNL12	4l	40	V-D-----	

SUBSTITUTE SHEET (RULE 26)

T06050" B E T T E R

GB724	4x	--D----	T-----
BE95	5a	V-N----	S-V-----
BE100	5a	V-D----	S-V-----Q--
HK2	6a	V-D----	T-V-----
VN4	7c	V-E----	T-----
VN12	7d	A-D----	A-----
FR1	9a	--D----	XX--V-----
NE98	10a	V-D----	-----

5 5 / 7 4

Figure 5. NS5B nucleotide alignment

Isolate	Type	SEQ ID	7932	7981
HCV-1	1a		CTCCACAGTCACTGAGAGCGACATCCGTACGGAGGAGGAATCTACCAAT	
HCV-J	1b		---A-G---AT---AT---T---AT---T---	
BE90	1b		N--A---C---A---GTT---T---T---	
BNL1	1d	53	---G---T---AT---GTC---AT---A---	
BNL2	1d	55	---G---T---A---C---RAT---T---	
FR17	1d	57	---G---T---A---T---GTC---AT---G---	
CAM1078	1e	61	---A-G---AGCT---T---A---T-C-A---	
FR2	1f	63	N--A---T---T---A---T-C---	
FR16	1g	67	NNNNNN---T---T---GTC---RT---T---	
HC-J6	2a		---A-C---A---A-G-T---T-C-A---T-GGG	
HC-J8	2b		---A-C---G---G---AA-A-A---A-AT-C-A---T-GG	
BNL3	2e	69	---G---A---A---T---AA-N-T---T-C-A---GG	
FR4	2f	71	---A-C---A---G-T---AA-A-T---T-C-A---TGG	
BNL5	2h	73	---A---G-G---A---A-G-C---T-C-T---TTG	
FR13	2k	77	A---A---A---A-AGTT---A---T-CG-T---T-TG-	
FR18	2l	79	---A---G---G---A-G-AT---T-C-A-T---TGG	
T1	3a		---A---ACAG---A-GGT---A-AG-A---	
T9	3b		---T---ACAT---A-G---AG-A---	
PAK64	3g	81	---T---ACAG-T---A-GGTA-A-A-A---	

5 6 / 7 4

T06050" BETT9860

Isolate	Type	SEQ ID	
GB48	4c	7932	7981
GB116	4c		
GB215	4c		
GB358	4c		
GB809	4e		
GB549	4g		
BNL8	4k	83	
BNL12	4l	85	
EG81	4m	87	
CHR18	5a		
VN13	7a	89	
VN4	7c	91	
VN12	7d	93	
FR1	9a	95	
NE98	10a	97	
FR14	11a	99	
FR15	11a	101	
FR19	11a	105	

57 / 74

T06050" SET5860

Isolate	Type	SEQ ID
HCV-1	1a	7982
HCV-J	1b	8031
BE90	1b	
BNL1	1d	53
BNL2	1d	55
FR17	1d	57
CAM1078	1e	61
FR2	1f	63
FR16	1g	67
HC-J6	2a	
HC-J8	2b	
BNL3	2e	69
FR4	2f	71
BNL5	2h	73
FR13	2k	77
FR18	2l	79
T1	3a	
T9	3b	
PAK64	3g	81

```

GTTGTGACCTCGACCCCAAGCCGCGTGGCCATCAAGTCCCTCACCAGAG
-----T-G-C-----G-----A-GCA-----A-G-----G-----A-----
-----T-G-C-----G-G-----A-ACA-----A-----G-----A-----
-----T-G-C-----G-G-----T-----AA-----A-----G-----
-----T-G-C-----Y-G-G-----AA-----A-----G-----
-C-----T-G-C-----G-G-----AA-----A-----G-----
-C-----GC-----G-----A-----T-----A-----TT-G-----T-----A
-C-----T-----A-----G-G-----T-----AA-----A-G-----A-----
-C-----G-C-----G-G-----T-----A-----A-----G-----T-----
C-----TC-T-GCC-GAGG-G-----A-ACT-----AC-C-----A-G-----T-----
C-----TCT-T-GCCT-AAG-----A-AACT-T-----AC-C-----G-----T-----
C-----TC-T-ACC-GAG-G-----A-AACT-----AC-C-----AT-G-----T-----
CC-----CTC-T-ACC-GAG-G-----GACT-----AC-T-----AT-A-----T-----
CC-----CTC-T-ACC-GAG-----AACT-----AC-T-----AT-G-----T-----
CC-----TCA-----TCC-GAGG-G-----A-CT-----AC-C-----A-----T-----
CC-----CTCGT-GCC-GAGG-G-----GACT-T-----AC-T-----G-----T-----
-C-----A-----T-----A-----GG-G-----A-GAGA-TG-----TCC-----G-----
-C-----T-----G-----AG-G-----T-----GAA-----G-----GCG-T-----A-----
-----T-----G-----GG-G-----TA-ACG-----A-----A-----G-----G-----A

```

58/74

Isolate	Type	SEQ ID	7982	8031
GB48	4c		-----G-G-G-G-----AA--A--T-CCG-----A--A----	
GB116	4c		-----G-G-G-G-----AGA--A--T-CCG-----A--A----	
GB215	4c		-----G-G-G-G-----AA--TA--T-CCG-----A--A----	
GB358	4c		-----G-G-G-G-----AA--A--T-CTG-----A--A----	
GB809	4e		-----T-G-G-G-G-----AA--TA--AGCCG-----G-----	
GB549	4g		-C--C-----G-G-G-G-----AA--TG--ATCCG-----A--G--A	
BNL8	4k	83	-----G-G-G-G-----T-----AA--TT--T-CCG-----A--A	
BNL12	4l	85	-----G-R-G-G-----AAA--A--ATCCG-----A-----	
EG81	4m	87	-----T-G-G-G-AG-G-----AA--A--ATCCG-----G-----	
CHR18	5a		CA-TGT--T-GC-G--TG-G-G--T-----A--ACG-----A-----C-A	
VN13	7a	89	-C---A-GT-G-G--GC---A--GACA-----CA--G--T--T--C	
VN4	7c	91	-C--CC-A--T-----GGTG--A--AA--T--T-CA--T--G--T--	
VN12	7d	93	-C--CC-AT-A--T--GGT--A--GAAA-----T-CA--T--T--T--	
FR1	9a	95	CC--CC-G-----AG-G-----GAAA-----T-----T--	
NE98	10a	97	CC-----A-GGA-G-G--TA-GAG--TG--A-CT--A-----G--	
FR14	11a	99	C-----C-AT-GCCTGAAG-G-----GAAA-----T--A--G--G--A--	
FR15	11a	101	C-----C-AT-GCC-GAAG-G-----GAA-----T--A--A--G--A--	
FR19	11a	103	C-----C-AT-GCC-GAAG-G-----GAA-----A--A--G--A--	

T06050" SET5860

Isolate	Type	SEQ ID	8032	8081
HCV-1	1a		AGGCTTTATGTTGGGGCCCTCTTACCAATTCAGGGGGGAGAACTGCGG	
HCV-J	1b		C-----C-----T-C-G-T-----G-A-----C-----	
BE90	1b		C-----A-C-----T-C-G-T-----A-----C-----T-----	
BNL1	1d	53	C-----G-CA-C-----Y-A-----AA-AC-----	
BNL2	1d	55	C-----G-C-C-----C-A-----A-----C-----	
FR17	1d	57	C-----G-A-C-----T-C-A-----C-----AA-C-----	
CAM1078	1e	61	-----G-C-C-----G-CT-G-----AA-----	
FR2	1f	63	-----A-C-----T-C-G-A-C-----AA-----C-----	
FR16	1g	67	C-----C-----C-----C-----AA-AC-----	
HC-J6	2a		--A-----C-G-A-G-CA-GTT-----CAGC-A-----CC-----C-----	
HC-J8	2b		--A-----C-A-A-G-CA-G-A-----CAGC-AA-----C-ATC-----	
BNL3	2e	69	--A-C-C-A-A-G-CA-G-TG-----CAGC-AA-----C-ATC-----	
FR4	2f	71	--A-----C-G-A-G-CA-G-TG-----CAGC-AA-----C-TC-----	
BNL5	2h	73	--A-----C-A-A-G-CA-G-TG-----CAGC-A-----AC-TC-----	
FR13	2k	77	-----G-C-G-A-T-CA-GCAG-----CAGC-A-----C-ATC-----	
FR18	2l	79	--A-C-CA-A-C-G-GA-G-TG-----CAGC-AA-----CC-TC-----T-----	
T1	3a		C-----CTGC-----A-GTT-----CAGC-A-----CCC-A-----T-----	
T9	3b		C-----G-CA-C-A-T-CA-GTA-----CAGT-A-----CTCC-G-----	
PAK64	3g	81	C-----C-----A-T-CA-GTT-----CAGC-A-----CTC-A-----	

T06050" SEETK5860

Isolate	Type	SEQ ID	8032	8081
GB48	4c		--A--C--C--G--C--T--CA-GCAT--CAGC-A--A--CTG----	
GB116	4c		--A--C--C--G--C--T--CA-GCAT--CAGC-----A--CTG----	
GB215	4c		--A--C-----G--C--T--CA-GCAT--AGC-AA--A--CTG----	
GB358	4c		--A--C-----G--C--T--CA-GCAT--CAGC-A--A--CTG--T--	
GB809	4e		--A--C--C--G--C--CA-GCAT--CAGC-A--A--CCTT----	
GB549	4g		--A--C--C--G--C--T--CA-GTA--C--C-A-----CCTA----	
BNL8	4k	83	--A--C--C--G--C--CA-GCA--CAGC-A--A--CCTT--T--	
BNL12	4l	85	--R--C--CT-G--C--CA-GTAT--CAGC-AA-----CT-----	
EG81	4m	87	--A--C-----G--C--T--CA-GTTT--CAGC-A--A--CCTA--T--	
CHR18	5a		C-C--G--CTG--A-----CA-GTAT--CAGC-A--A--CCTA--T--	
VN13	7a	89	C-AT-G--CTNC--T--T--CA-GTNT--C--T-AA--TC--GCA--T--	
VN4	7c	91	C-----G--CTGC--W--G--CA-G-TG--C--CC-T--TC-ATCA--T--	
VN12	7d	93	C-----G--CTGC--C-----CA-GTA--C--TC-A--TC--TCA--T--	
FR1	9a	95	-----C-----C-----A-GTA--C-----A--CC-ACT--T--	
NE98	10a	97	C-----CTG--T--T--A-GTT--CAGC-A--A--AC-AC-----	
FR14	11a	99	--A--A--C--G--C-----GA-GGAA--CAGC-A--A--CC--GCT----	
FR15	11a	101	--A--A--C--G--C-----GA-GGAA--CAGC-AA--CC--GC-----	
FR19	11a	105	--A--A--C--G--C-----GA-GGAA--CAGC-A--A--CC--GC-----	

61 / 74

T06050" SET5860

Isolate	Type	SEQ ID	
HCV-1	1a	8082	CTATCGCAGGTGCCGCGGCGTACTGACAACTAGCTGTGGTAACA
HCV-J	1b		T-----C-----A-T-----G-----G-----C-C-----
BE90	1b		-----C-A-----A-----G-----G-----C-----C-----T
BNL1	1d	53	---C--TC-----C-----G-----T--C-----C-C-----
BNL2	1d	55	-----TC-----T-----G-----C-C-----C-C-----
FR17	1d	57	---C--TC-----C-----G-----T--C-----C-----T
CAM1078	1e	61	-----A-----T-C-----CT-----C-----C-C-----
FR2	1f	63	---C--C-A-----T-A-----C-----G-----C-C-----
FR16	1g	67	-----C-----T-----T-G-----T-----C-----
HC-J6	2a		G--CA-GC-T-----C-----G-G--T--C-----ATG-G-----
HC-J8	2b		---CA-GC-T-----A-----T--T-C-C-C-C-----ATG-G--T-
BNL3	2e	69	A--CA-GCAT-----C-----A-G-C-C-C-C-----TATG-G--T-
FR4	2f	71	A--CA-GC-T-----T-----A-G-C-C-C-C-----TATG-G-----
BNL5	2h	73	T--CA-AC-T-----C-----A-G-C-C-C-C-----ATG-G--T-
FR13	2k	77	A--CA-GC-C-----C-----G-G-C-C-C-C-----ATG-G--T-
FR18	2l	79	A--CA-GC-T--T-----C-----G-GT-C-C-----ATG-C--T-
T1	3a		T-----C-----T-C-T--A-C-----C-T--C-----TC-C-----
T9	3b		-----C-C-----C-----CT--C-T--C-----TC-C--T-
PAK64	3g	81	A-----C-T-----T--T-----T--C-C-----AC-----T-

T06050" REF 5860

Isolate	Type	SEQ ID	8082	8131
GB48	4c		G---A-T---A---CTAC-C-C---TC-G---	
GB116	4c		G---A---T---CTAC-C-C---TC-G---	
GB215	4c		G---A---A---CTAC-C-C---TC-G---	
GB358	4c		G---A---A---CTAC-C-C---TC-G---	
GB809	4e		G---T-A---TAC-C-C---TC-G---	
GB549	4g		GC-A-G---G-CTAC-C-C---TC-G---	
BNL8	4k	83	G---G-A---A---CTAC-C-C---TC-G---	
BNL12	4l	85	G---G---A---GTAC-C-A-T-TC-G---	
EG81	4m	87	---C---A---CTAC-C-C---TC-A---	
CHR18	5a		T---T-A---C---CT-C-C---TATG-C---	
VN13	7a	89	A-C-T---A-G-C-T---C-C-T-CTG-CC-T-	
VN4	7c	91	A-C-T---A-C-T---G-C-C-G---TG-C-T-	
VN12	7d	93	G-C---G-T-T-T-CT-C-C-A---TG-C---	
FR1	9a	95	TC-A---C-A---A---CC-C-A---ATG---	
NE98	10a	97	T-C---C-C---T-T-G-G-AC-C-C---TC-G---	
FR14	11a	99	A---A-GC-T---A---G---T-C-C-A---TG-G---	
FR15	11a	101	A---A-GC-T---A---G---T-C-C-A---TG-G---	
FR19	11a	105	A---CA-GC-T---A---G---T-C-C-A---TG-G---	

63/74

T06050" SEFFS960

Isolate	Type	SEQ ID
HCV-1	1a	8132
HCV-J	1b	8181
BE90	1b	
BNL1	1d	
BNL2	1d	
FR17	1d	
CAM1078	1e	
FR2	1f	
FR16	1g	
HC-J6	2a	
HC-J8	2b	
BNL3	2e	
FR4	2f	
BNL5	2h	
FR13	2k	
FR18	2l	
T1	3a	
T9	3b	
PAK64	3g	
		81
CCCTCACTTGCTACATCAAGCCCGGCGAGCCTGTGAGCCGCGAGGCTC -----A-T-----T-G-----ACT-G-----T-----AA----- -----T-A-T-----C-A-----TCT-----T-----T-GAA----- -----G-A-----T-G-A-A-A-G-----T-----T-AA----- -----A-----T-G-A-A-A-G-----T-----T-AA----- -----A-T-----T-G-A-A-A-G-----T-----T-AA----- -----C-----T-----T-G-A-A-A-G-----T-----T-GAA----- -----C-T-----A-----TA-----A-----T-----CAA----- -----A-----C-G-A-A-GCC-G-----T-----T-GAA----- -----A-----TG-G-A-A-TTA-G-----AAG-T-----A-A----- -----A-G-A-T-----A-----TT-----G-----AAG-T-----A----- -----A-----G-----TA-G-T-----AA-----A-AA-A----- -----A-----G-T-----TG-G-A-A-T-----T-----T-G-CA-T----- -----A-----A-----TG-G-----ATTA-T-----CAA-----T-----CA----- -----T-----A-----T-G-----A-----G-----CA-G-----G-CA-T----- -----A-----G-----TG-G-A-A-AT-----T-----CA-----T-C-----A-T----- -----AA-----T-----ACA-G-----T-----TGC GAAG-----C----- -----AA-A-C-T-----ACT-----A-CA-G-----T-G-T----- -----AA-----C-----A-A-G-----TGC-----T-G-C-T-----		

T06050" REF5860

Isolate	Type	SEQ ID	
GB48	4c	8132	-A--G--G-----C---A---TCA--C--TATCAA--G--G-----G
GB116	4c		-A--G--G-----TC---A---TCA--C--TATCA--G--G-----G
GB215	4c		-A--G--G-----TC---A---TCA--C--ATCA--G--GT-----G
GB358	4c		-A--G--G-----C---A---TCA--C--TATCA--G--G-----G
GB809	4e		-AA--G--G-----C-T---TCA-----ATCA--G--T--G-----A
GB549	4g		-TG--A--G--T---TC-----GTT--G--TAC--A--G-----T--G
BNL8	4k		-A--G--G-----C---A---TCA--T--TAT--A--G-----G
BNL12	4l		-AG--G--C-----TC-T---ACC-----TACCA--G--T-----C--A
EG81	4m		-A--G--C-----C---AC---C--TACCA--G--C--C--G
CHR18	5a		-A--G--G-----T---TTTA--CT-----A-----AA---
VN13	7a	89	-T--G-----T-G--A--T-A--G--A--CA--T--C-----G
VN4	7c	91	---A--A-----TT-G--A--A-AA-----G--A--G--A--AA---
VN12	7d	93	-A--G--A-----C-G-----T-A--G--T---A--G--A--RAA---
FR1	9a	95	-A---A-----T-C-G-----AACC--C--T--C-----A--C--CT-T
NE98	10a	97	-AA---C--T-----A--AAA-----TACCAA--T--C--AA-T
FR14	11a	99	-A--G-----T-----A--TAAA--G--T---AA-----T--CA-T
FR15	11a	101	-A--G-----T-----AAR-----T--AA---Y--T--CA-T
FR19	11a	105	-A--G-----T-----A--AA--G--T---AA-----T--CA-T

"06050" REF: 9860

Isolate	Type	SEQ ID	8182	8231
HCV-1	1a		CAGGACTGCACCATGCTCGTGTGTGGCGACGACTTAGTCGTTATCTGTGA	
HCV-J	1b		-----G-----AAC--A-----C-T-----	
BE90	1b		-----G-----C-G-----C-T-----	
BNL1	1d	53	-G-----C-G--T--C-T-----	
BNL2	1d	55	-----G-----C-A--C-T-----	
FR17	1d	57	-----A-----C-A--C-T-----	
CAM1078	1e	61	-----C-----C-G--G--C--	
FR2	1f	63	-----T-A-----C-----C-T-----	
FR16	1g	67	-G--A-----C-----C-C-----	
HC-J6	2a		ATT-CGCC--A--G--A--C--T--G--T--C--CA--	
HC-J8	2b		GT--CCTGTT--T-G--A--C--G--C--CA--	
BNL3	2e	69	GT--C-CC--G--G--C--T--C--T--C--CA--	
FR4	2f	71	GTT-C-CC--G--G--C--T--C-G--T--C--CA--	
BNL5	2h	73	GTT-CTCC--G--G--T--TC-G--A-C--CA--	
FR13	2k	77	GTT-CACC--A--G--C--G--C--C--CA--	
FR18	2l	79	G-C-C-CC--A--T-G--A--C--G--C--CA--	
T1	3a		-G-A--CCGGA-T-T--T--C--C--A--T--TC-G--AG-GGC--	
T9	3b		A-A--CCAT-TT-C--T--C--C--A--T--G--G--G-A-C--	
PAK64	3g	81	--A--CCAT-AT-C--T--C--C--A--T--T--G--G--AG-GGC--	

6 6 / 7 4

T06050" BETT5860

Isolate	Type	SEQ ID	
GB48	4c	8182	AGA-----T-G-C-----T-T--C-G-T-C--GC--
GB116	4c		AGA-----T-G-C-----T-T--C-G--C--TGC--
GB215	4c		AGA-----T-----G-C-A-T--C-G--C--TGC--
GB358	4c		AGA-----T-G-C-----T-T--C-G--C--TGC--
GB809	4e		A-----T-----G-T-C-T--A--C--G--GCC--
GB549	4g		A-A-GT---G-----G-T--A--C--G--GCC--
BNL8	4k	83	AGA-----G-T--C-T--G--C--GC--
BNL12	4l	85	A-A-----G-C-C-T--G--C--GCC--
EG81	4m	87	A-----A-----G-T-C-G--C-G--GCA--
CHR18	5a		-----GC-C-G-----T-T--TC-T-G-CC-T-C--
VN13	7a	89	A-----TTGA---T-G-C-C-A--C-T--T-CG--
VN4	7c	91	A-AA---ATGA---T-A-C-C-A--TC-----GCG--
VN12	7d	93	A-AA---TTGA---T-G-C-C-A--C-----TGC--
FR1	9a	95	ACA-T-ATGA---T-G-C-C-A--T-G-T-CG-AAC--
NE98	10a	97	A-AA-TCCAT-AT-C-T-C-C-A--T--G--G-TGC--
FR14	11a	99	GTA---CCGGTG-----C-T--C--G-C--CA--
FR15	11a	101	GTT---CCGGTG-----C--C--G-C--CA--
FR19	11a	105	GTT---CCAGTG-----C--C--G-C--CA--

Parameter	Unit	Value	Standard Error	t-Statistic	p-Value
Intercept		1.0000	0.0000	1.0000	0.0000
Age	Years	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
Gender		0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
Marital Status		0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
Education	Years	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
Income	USD	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
Health		0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
Smoking		0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
Alcohol		0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
Exercise		0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
Stress		0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
Family Size		0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
Work Hours	Hours	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
Job Satisfaction		0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
Health Insurance		0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
Home Ownership		0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
City		0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
State		0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
Country		0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
Year		0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
Constant		0.0000	0.0000	0.0000	0.0000

Isolate	Type	SEQ ID	
HCV-1	1a	8232	AAGCGGGGGTCCAGGACGGCGGAGCCTGAGAGCC
HCV-J	1b		G-T---AAC---T---GC---AC---
BE90	1b		-----AAC---A---AC---AC---
BNL1	1d	53	G-T---A---G---A---A---AC---T-
BNL2	1d	55	G-----A---G---A---A---AC---T-
FR17	1d	57	G-T-R-A---G---T---A---AC---T-
CAM1078	1e	61	G-T-TA---AC---T---TC---C---
FR2	1f	63	G-T-A---N---N---TC---T---
FR16	1g	67	G-T-----T---T---A-----
HC-J6	2a		G---CA---AC-G-----A-CG-A---
HC-J8	2b		G---CAA-TAA-G-----A-CGA-A---T
BNL3	2e	69	G-TCA-A---G-----ACCG-A-----
FR4	2f	71	G-TCA-----CTG-----A-CGA-A---T-
BNL5	2h	73	G-TCA---AAC-G-----T-A-CG-A---T-
FR13	2k	77	G-TCA---ACTG-AG-----A-AAC-A---C-T
FR18	2l	79	G-TCA---AC-G-----A-CGA-AT-----T-
T1	3a		G---AT-C---G-T-----TAGA-AGC-----
T9	3b		---TGC-C---G-----AGA-AGCT---C---
PAK64	3g	81	G-TTGC-KC-TG-T-----G-ATAG-GCAGC

6 8 / 7 4

T05050" SET5860

Isolate	Type	SEQ ID	8232	8271
GB48	4c		G---AT--C--AG-----AAACGACC---CG----	
GB116	4c		-----AT--C--AG-----AAACGAGC---CG----	
GB215	4c		G-----AT--C--AG-----AAACGAGC---CG---T-	
GB358	4c		G-----AT--C--TG-----AAACGAGC---CG----	
GB809	4e		G-----GT--C--TG-----AAACGANC---CG---T	
GB549	4g		G-----GC--C--AG-----T---AAGAGC---CC-----	
BNL8	4k	83	G-----AT--C--AG-----TAACCGAGC---CCN----	
BNL12	4l	85	G-----A--C--AG-----TT-CCAACC---CC-----	
EG81	4m	87	G-----AT--C--GG-C-----CGCCGAGC---CCA---T	
CHR18	5a		G---CA---ACG--C-----TAAA-----	
VN13	7a	89	G---TTT-----TC-----A-TAGTGCA---C-----T	
VN4	7c	91	G---T-GA--A---TCT-----T-TT-ACGC---C-----A	
VN12	7d	93	G-----GA--A---CT-----T--C-G-GC---C---T-	
FR1	9a	95	G---T--A--A---A-C-----TATC--T-A-----C----	
NE98	10a	97	G---T--A--A--G-T-----AA-AGCGC-T-----T	
FR14	11a	99	---AA-----GG-----CA-CG-GA---AC---T-	
FR15	11a	101	G---AA-----AG-----CA-CGAGA---AC	
FR19	11a	105	---AA-----GG-----CAACGAGA---AC--NT-	

Figure 6. NS5B amino acid alignment

Isolate	Type	SEQ ID	
HCV-1	1a	2645	STVTESDIRTEEAIIYQCCDLPQARVAIKSLTERLYVGGPLTNSRGNCG
HCV-J	1b		-----N-----S-----A-E-Q-R-----K-Q-----
2TY4	1c		-----H-D-A-N-----K-----
BNL1	1d	54	-----N--V--S-----A-E-K-----I-X-----K-Q-----
BNL2	1d	56	-----N-----XS-----AXE-K-----K-Q-----
FR17	1d	58	-----N--V--S-----A-E-K-----I-----K-Q-----
CAM1078	1e	62	-----A-----S-----H-E-----K-----K-----
FR2	1f	64	-----S-----S-----E-K-R-----I-----K-Q-----
FR16	1g	68	XX-----V-XS-----A-E-----K-Q-----
HC-J6	2a		-----R-----S-RA-S-PEE-HT-H-----MF-K-QT-----
HC-J8	2b		-----R-----S--A-S-PQE-TV-H-----M-K-QS-----
ARG8	2c		-----S-S-PEE-T-H-----M-K-QS-----
NE92	2d		-----R-----S-LA-S-PE-T-H-----ML-K-QT-----
BNL3	2e	70	-----R-X-----S--A-S-PE-T-H-----MM-K-QS-----
FR4	2f	72	-----R-----S-LA-S-PE-T-H-----MM-K-QS-----
BNL5	2h	74	-----A-R-----S-LA-S-PE-T-H-----MM-K-QS-----
FR13	2k	78	-----R--V--SV-LS-S-PEE-A-H-----MQ-K-QS-----
FR18	2l	80	-----R--N--S-FLA-S-PEE-TV-H-----I-MM-K-QS-----
BR34	3a		-----C-----MF-K-AQ-----
BR36	3a		-----C-----MF-K-AQ-----
BR33	3a		-----C-----MF-K-AQ-----
T9	3b		-----H-----E-----E-E-K-SA-----I-MY-K-LQ-----
PAK64	3g	82	-----Q--V--E-----E-E-R-----MF-K-LK-----

7 0 / 7 4

T06050" SET 5860

GB48	4C	---	K	---	V	---	EV	---	E	---	E	---	K	---	TA	---	MH	---	K	---	DL	---							
GB116	4C	---	K	---	V	---	EV	---	E	---	E	---	R	---	TA	---	MH	---	K	---	DL	---							
GB215	4C	---	K	---	V	---	EV	---	E	---	E	---	KV	---	TA	---	MH	---	K	---	DL	---							
GB358	4C	---	K	---	V	---	EV	---	E	---	E	---	K	---	TA	---	MH	---	K	---	DL	---							
GB809	4e	---	R	---	KV	---	EV	---	E	---	E	---	KV	---	AA	---	MH	---	K	---	DL	---							
CAMG22	4f	---	R	---	V	---	EV	---	E	---	ET	---	KV	---	SA	---	MH	---	K	---	DL	---							
GB549	4g	---	R	---	E	---	E	---	E	---	E	---	KV	---	SA	---	MY	---	K	---	DL	---							
GB438	4h	---	R	---	V	---	E	---	E	---	E	---	KV	---	SA	---	MY	---	K	---	DL	---							
CAR4/12054i		---	P	---	R	---	X	---	V	---	EV	---	N	---	EXDX	---	KV	---	NA	---	MH	---	K	---	DL	---			
CAR1/501	4j	---	X	---	R	---	GEV	---	E	---	E	---	KV	---	TA	---	MF	---	K	---	DL	---							
EG13	4?						V	---	N	---	E	---	E	---	K	---	TA	---	MH	---	K	---	DL	---					
BNL8	4k		---	K	---	P	---	EV	---	E	---	E	---	KV	---	TA	---	MH	---	K	---	DL	---						
BNL12	4l		---	K	---	V	---	E	---	X	---	E	---	K	---	SA	---	X	---	L	---	MY	---	K	---	DL	---		
EG81	4m		---	R	---	V	---	EV	---	E	---	E	---	K	---	SA	---	MF	---	K	---	DL	---						
BE95	5a		---	H	---	M	---	S	---	S	---	Q	---	E	---	A	---	R	---	Q	---	C	---	MY	---	K	---	QQ	---
CHR18	5a		---	H	---	M	---	S	---	SLY	---	Q	---	E	---	R	---	Q	---	C	---	C	---	MY	---	K	---	QQ	---
VN13	7a		---	R	---	VQ	---	HD	---	K	---	E	---	A	---	T	---	T	---	D	---	X	---	MX	---	K	---	QA	---
VN4	7c		---	R	---	X	---	HD	---	Q	---	V	---	K	---	T	---	CX	---	MM	---	QS	---						
VN12	7d		---	S	---	R	---	HD	---	Q	---	V	---	K	---	T	---	C	---	MY	---	QS	---						
FR1	9a		---	GR	---	XD	---	LS	---	Q	---	E	---	K	---														
NE98	10a		---	Q	---	V	---	LS	---	F	---	A	---	KDE	---	RV	---	T	---	C	---	MY	---	K	---	QL	---		
FR14	11a		---	R	---		---	S	---	LS	---	Q	---	PEE	---	K	---												
FR15	11a		---	R	---		---	S	---	XXA	---	Q	---	PEE	---	K	---												
FR19	11a		---	R	---		---	SX	---	LA	---	Q	---	PEE	---	K	---												

71/74

T06050" REF 5860

Isolate	Type	SEQ ID	
HCV-1	1a	2695	YRRCRASGVLTTSCGNTLTCTYIKARAACRAAGLQDCITMLVCGDDLVICE
HCV-J	1b		-----L--T-----K-----N-----
2TY4	1c		-----L-----R-----
BNL1	1d	54	-----L-----K-R-----
BNL2	1d	56	-----L-----K-----
FR11	1d	58	-----L-----K-----
CAM1078	1e	62	-----L-----K-----
FR2	1f	64	-----K-----S-----
FR16	1g	68	-----L-A-----K-RE-----
HC-J6	2a		-----M--I--V--L--K--IIAP-----S-
HC-J8	2b		-----F--M--M-----L--K--IV-PV-----S-
ARG8	2c		-----A--M-----V-----N--IVAP-----
NE92	2d		-----F--M--I--V--Q--K--IIAP-----S-
BNL3	2e	70	-----H-----M--I-----L--K--IVAP-----S-
FR4	2f	72	-----M-----M--I--V--L--K--IVAP-----S-
BNL5	2h	74	-----M-----M--I--V--L--K--IVAP-----I-S-
FR13	2k	78	-----M-----M--I--V--L--Q--IVAP-----S-
FR18	2l	80	-----F--M--I--V--M-----IDAP-----S-
BR34	3a		-----P--F--I-----T--A-----RNPDE-----VA-
BR36	3a		-----P--F--I-----T--AK-----RSPDE-----VA-
BR33	3a		-----P--F--I-----T--AK-----RNPDE-----VA-
T9	3b		-----P--F--I-----K--S-----K-PSF-----VS-
PAK64	3g	82	-----P--Y--I-----A-----PSF-----VA-

7 2 / 7 4

T06050" REF5860

GB48	4c	---	Y	---	F	---	L	---	S	---	IK	---	R	---	---	A
GB116	4c	---	Y	---	F	---	L	---	S	---	I	---	R	---	---	A
GB215	4c	---	Y	---	F	---	L	---	S	---	I	---	S	---	Y	A
GB358	4c	---	Y	---	F	---	L	---	S	---	I	---	R	---	---	A
GB809	4e	---	Y	---	F	---	M	---	L	---	S	---	I	---	---	A
CAMG22	4f	---	Y	---	F	---	FL	---	T	---	TK	---	K	---	---	A
GB549	4g	---	Y	---	F	---	V	---	L	---	V	---	T	---	KG-S	---
GB438	4h	---	Y	---	F	---	V	---	L	---	T	---	T	---	---	A
CAR4/12054i	---	---	Y	---	F	---	L	---	T	---	T	---	T	---	---	A
CAR1/501 4j	---	---	F	---	F	---	L	---	T	---	T	---	K	---	---	S
EG13	4?	---	F	---	F	---	L	---	T	---	I	---	R	---	---	---
BNL8	4k	---	Y	---	F	---	L	---	S	---	I	---	R	---	---	A
BNL12	4l	---	Y	---	F	---	V	---	L	---	T	---	T	---	---	A
EG81	4m	---	Y	---	F	---	L	---	T	---	T	---	K	---	---	A
BE95	5a	---	F	---	M	---	M	---	L	---	S	---	R	---	I	A
CHR18	5a	---	F	---	M	---	M	---	L	---	S	---	K	---	---	A
VN13	7a	---	---	---	IL	A	---	L	---	Q	---	---	K	---	FD	S
VN4	7c	---	---	---	L	---	L	---	Q	---	---	---	K	---	KNYD	A
VN12	7d	---	F	---	L	---	M	---	L	---	Q	---	XK	---	KNFD	A
FR1	9a	---	P	---	M	---	I	---	FL	---	T	---	FT	---	YD	VT
NE98	10a	---	P	---	F	---	I	---	---	---	K	---	TK	---	IKNPSF	A
FR14	11a	---	F	---	L	---	M	---	---	---	K	---	K	---	IV	PV
FR15	11a	---	F	---	L	---	M	---	---	---	X	---	KX	---	IV	PV
FR19	11a	---	F	---	L	---	M	---	---	---	K	---	K	---	IV	PV

84

86

88

90

92

94

96

98

100

102

106

73/74

T06050" BETT5860

Isolate	Type	SEQ ID	2745	2757
HCV-1	1a		SAGVQEDAA	SLRA
HCV-J	1b		---	T-----A---
BE90	1b		---	T-----V
BNL1	1d	54	---	E-----N---
BNL2	1d	56	---	E-----N-V
FR17	1d	58	-X-	E-----N-V
CAM1078	1e	62	-V-T-	-----
FR2	1f	64	IE-XX	--PS
FR16	1g	68	---	-----
HC-J6	2a		-Q-TE-	--ERN---
HC-J8	2b		-Q-NE-	--ERN---
NE92	2d		-Q-TE-	--ERN---
BNL3	2e	70	-Q-E-	--DRN-
FR4	2f	72	-Q-AE-	--ERN--V
BNL5	2h	74	-Q-TE-	--ERN--V
FR13	2k	78	-Q-TER-	ENN--P
FR18	2l	80	-Q-TE-	--ERN--V
BR34	3a		-	-
BR36	3a		-	-
BR33	3a		-	-
T9	3b		-C-E-	--R-A---
PAK64	3g	82	-CX-D-	EDRAALR

74 / 74

T06050" SEFTS860

GB48	4C	-D--E--KRP-G-	
GB116	4C	-D--E--KRA-G-	
GB215	4C	-D--E--KRA-GV	
GB358	4C	-D--E--KRA-G-	
GB809	4e	-G--E--KRX-G-	
CAMG22	4f	-D--E--RRA-G-	
GB549	4g	-G--E--RA---	
GB438	4h	-G--E--RA---	
CAR4/12054i		-I-ID--KQA--T	
CAR1/501 4j		-----E--PXTX-P	
BNL8	4k	-D--E--NRA-X-	84
BNL12	4l	-E--E--SQP---	86
EG81	4m	-D--D--RRA-Q-	88
BE95	5a	-Q-TH--E-----	
CHR18	5a	-Q-TH--K-----	
VN13	7a	-L--S--TSA---	90
VN4	7c	-G--S--VDA---	92
VN12	7d	-G--P--GA--V	94
FR1	9a	-----N--I-N---	96
NE98	10a	-----ID--KSA---	98
FR14	11a	-K--E--QRD--V	100
FR15	11a	-K--E--QRD-	102
FR19	11a	-K--E--QRD--	106